











METHOD FOR DETERMINING SKIN STRESS OR SKIN AGEING IN VITRO**Publication number:** WO02053773**Publication date:** 2002-07-11**Inventor:** PETERSOHN DIRK (DE); CONRADT MARCUS (DE);
HOFMANN KAY (DE)**Applicant:** HENKEL KGAA (DE); PETERSOHN DIRK (DE);
CONRADT MARCUS (DE); HOFMANN KAY (DE)**Classification:****- international:** **A61P17/00; C12Q1/68; G01N33/68; A61P17/00;
C12Q1/68; G01N33/68;** (IPC1-7): C12Q1/68; A61K7/00;
A61K31/7088; A61K38/00; A61P17/00; G01N33/50**- European:** C12Q1/68M6; G01N33/68A; G01N33/68M**Application number:** WO2001EP15178 20011220**Priority number(s):** DE20011000121 20010103**Also published as:** WO02053773 (A3)
 EP1356106 (A3)
 EP1356106 (A2)
 US2004142335 (A1)
 EP1356106 (A0)

more >>

Cited documents: WO9613610
 WO9952929
 EP0761822
 WO0010579
 DE10050274

more >>

Report a data error here**Abstract of WO02053773**

The invention relates to a method for determining skin stress and/or skin ageing in humans or animals in vitro, test kits and biochips for determining skin stress and/or skin ageing, and the use of proteins, mRNA molecules or fragments of proteins or mRNA molecules as skin stress and/or ageing markers. The invention also relates to a test method for demonstrating the effectiveness of cosmetic or pharmaceutical active ingredients against skin stress and/or skin ageing, a screening method for identifying cosmetic or pharmaceutical active ingredients against skin stress and/or skin ageing, and a method for producing a cosmetic and/or pharmaceutical preparation against skin stress and/or skin ageing. The invention further relates to a cosmetic or pharmaceutical preparation against skin stress and/or skin ageing.

Data supplied from the **esp@cenet** database - Worldwide*English Abstract for B3*

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
11. Juli 2002 (11.07.2002)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 02/053773 A2

(51) Internationale Patentklassifikation⁷: **C12Q 1/68**,
A61K 31/7088, 38/00, 7/00, A61P 17/00, G01N 33/50

[DE/DE]; Uferstrasse 48, 50996 Köln (DE). **CONRADT, Marcus** [DE/DE]; Altengrabengässchen 1a, 50668 Köln (DE). **HOFMANN, Kay** [DE/DE]; Ehrenfeldgürtel 139, 50823 Köln (DE).

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP01/15178

(22) Internationales Anmeldedatum:
20. Dezember 2001 (20.12.2001)

(81) Bestimmungsstaaten (*national*): AU, BG, BR, BY, CA, CN, CZ, DZ, HU, ID, IL, IN, JP, KR, MX, NO, NZ, PL, RO, RU, SG, SI, SK, UA, US, UZ, VN, YU, ZA.

(25) Einreichungssprache: Deutsch

(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch

(84) Bestimmungsstaaten (*regional*): europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, TR).

(30) Angaben zur Priorität:
101 00 121.5 3. Januar 2001 (03.01.2001) DE

Veröffentlicht:

— ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von US): **HENKEL KOMMANDITGESELLSCHAFT AUF AKTIEN** [DE/DE]; Henkelstrasse 67, 40589 Düsseldorf (DE).

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): **PETERSOHN, Dirk**

(54) Title: METHOD FOR DETERMINING SKIN STRESS OR SKIN AGEING IN VITRO

(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUR BESTIMMUNG DES HAUTSTRESS ODER DER HAUTALTERUNG IN VITRO

(57) Abstract: The invention relates to a method for determining skin stress and/or skin ageing in humans or animals in vitro, test kits and biochips for determining skin stress and/or skin ageing, and the use of proteins, mRNA molecules or fragments of proteins or mRNA molecules as skin stress and/or ageing markers. The invention also relates to a test method for demonstrating the effectiveness of cosmetic or pharmaceutical active ingredients against skin stress and/or skin ageing, a screening method for identifying cosmetic or pharmaceutical active ingredients against skin stress and/or skin ageing, and a method for producing a cosmetic and/or pharmaceutical preparation against skin stress and/or skin ageing. The invention further relates to a cosmetic or pharmaceutical preparation against skin stress and/or skin ageing.

(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Bestimmung des Hautstresses und/oder der Hautalterung bei Menschen oder Tieren in vitro, Test-Kits und Biochips zur Bestimmung des Hautstresses und/oder der Hautalterung sowie die Verwendung von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen als Stress- und/oder Alterungsmarker der Haut; ferner ein Testverfahren zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstress und/oder Hautalterung sowie ein Screening-Verfahren zur Identifikation von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstress und/oder Hautalterung und ein Verfahren zur Herstellung einer kosmetischen oder pharmazeutischen Zubereitung gegen Hautstress und/oder Hautalterung. Des weiteren eine kosmetische oder pharmazeutische Zubereitung gegen Hautstress und/oder Hautalterung.

WO 02/053773 A2

Verfahren zur Bestimmung des Hautstreß oder der Hautalterung in vitro

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung bei Menschen oder Tieren in vitro, Test-Kits und Biochips zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung sowie die Verwendung von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen als Streß- und/oder Alterungsmarker der Haut; ferner ein Testverfahren zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstreß und/oder Hautalterung sowie ein Screening-Verfahren zur Identifikation von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstreß und/oder Hautalterung und ein Verfahren zur Herstellung einer kosmetischen oder pharmazeutischen Zubereitung gegen Hautstreß und/oder Hautalterung.

Jede lebende Zelle ist in der Lage auf Signale ihrer Umwelt zu reagieren. Die Reaktionen der Zellen werden durch eine geordnete Regulation der Genexpression realisiert, sodaß der Metabolismus von Zellen nicht statisch sondern sehr dynamisch ist.

Das menschliche Genom umfasst nach jüngsten Schätzungen ca. 140.000 Gene. Von diesem immensen Informationsangebot verwendet jede Zelle jedoch lediglich einen kleinen, für sie spezifischen Teil für die Synthese von Proteinen, der sich im Genexpressionsmuster widerspiegelt. Exogene Signale werden von Zellen empfangen und führen, zum Teil über komplexe Signaltransduktionskaskaden, zu Veränderungen im Genexpressionsmuster. Auf diese Weise reagiert jede Zelle auf Signale aus ihrer Umgebung mit der Anpassung ihres Metabolismus.

Z.B. bemerken die Zellen der Haut die energiereiche Strahlung der Sonne und reagieren darauf mit der Umstellung ihrer RNA- und Proteinsyntheseleistungen. Einige Moleküle werden nach einem Stresstimulus (z.B. Sonnenlicht) vermehrt synthetisiert (z.B. MMP-1), andere wiederum werden in einem geringeren Umfang produziert (z.B. Kollagen α_1 (I)).

Weiterhin wird bei einer Vielzahl der Syntheseprozesse keine signifikante Veränderung erfolgen (z.B. TIMP-1).

Die menschliche Haut ist das größte Organ des menschlichen Körpers. Sie ist ein sehr komplex aufgebautes Organ, welches aus einer Vielzahl verschiedener Zelltypen besteht und die Grenzfläche des Körpers zur Umwelt bildet. Diese Tatsache verdeutlicht, dass die Zellen der Haut in besonderem Maße exogenen Signalen der Umwelt, physikalischer und chemischer Natur ausgesetzt sind und daher kontinuierlich ihre Genexpression regulieren. Für das Verständnis von Hautreaktionen auf exogene Stimuli ist daher die Analyse der Genexpression in der Haut von entscheidender Bedeutung.

Die makroskopischen Phänomene alternder Haut beruhen zum einen auf der intrinsischen oder chronologischen Alterung (Hautalterung), zum anderen auf der extrinsischen Alterung durch Umweltstress (Hautstreß). Die Fähigkeit lebender Hautzellen, auf Ihre Umwelt zu reagieren, verändert sich mit der Zeit – es finden Alterungsprozesse statt, die zur Seneszenz und letztendlich zum Zelltod führen. Die sichtbaren Zeichen gealterter Haut sind als Integral der intrinsischen und der extrinsischen Alterung (z.B. durch Sonnenlicht) zu verstehen, wobei die Ereignisse der extrinsischen Alterung über einen längeren Zeitraum in der Haut akkumulieren.

Ein entscheidendes Merkmal der Haut ist, dass mit zunehmendem Alter die Zellen ihre Fähigkeit verlieren die Homöostase des Organs aufrecht zu erhalten. Welche molekularen Mechanismen dieser Entwicklung zugrunde liegen ist bislang weitgehend unklar.

Effektive Antiage-Produkte zeigen ihre Wirkung auf ein möglichst breites Spektrum molekularer Phänomene der Hautalterung. Bisher sind jedoch nur wenige molekulare Ereignisse der Hautalterung beschrieben worden, die somit als Target kosmetischer Antiage-Produkte dienen können. Die Identifikation neuer Alterungsmarker ermöglicht es, den komplexen Prozesse der intrinsischen und extrinsischen Hautalterung und ihre kausalen Zusammenhänge zu begreifen. Nur mit diesem Wissen können neue Konzepte für kosmetische Antiage-Produkte entwickelt werden, die ihre Wirkung auf das breite Spektrum extrinsischer und intrinsischer Alterungsprozesse in der Haut ausüben.

Jeder Zelltyp der Haut exprimiert ca. 15.000 verschiedene Gene und synthetisiert daraus entsprechend viele Proteine. Welche Gene davon bei der Hautalterung eine Rolle spielen ist bisher jedoch weitgehend unklar.

Die Haut besteht aus mehreren verschiedenen Zelltypen (Fibroblasten, Keratinozyten in verschiedenen Differenzierungszuständen, Melanozyten, Merkelzellen, Langerhanszellen Haarfollikelzellen, Schweißdrüsenzellen etc.), sodass die Komplexität in der Haut exprimierter Gene sehr groß ist. Es ist bisher nicht möglich gewesen, diese immense Komplexität zu beschreiben. Ebenso wenig war es bisher möglich aus dieser Komplexität die Gene zu identifizieren, die mit der Hautalterung in Zusammenhang stehen und als molekulare Marker der Hautalterung dienen können.

Erschwerend kommt hinzu, dass in der Zelle mRNA-Moleküle in Konzentrationen zwischen einigen wenigen und mehreren hundert Kopien vorkommen. Die schwach exprimierten Gene sind bisherigen Analysen nicht oder nur sehr schwer zugänglich gewesen, können aber durchaus eine entscheidende Rolle für Alterungsprozesse und für die Homöostase der Haut spielen.

Die Gesamtheit aller mRNA-Moleküle, die von einer Zelle oder einem Gewebe zu einem bestimmten Zeitpunkt synthetisiert werden, bezeichnet man als "Transkriptom". Bis heute ist es nicht möglich gewesen das komplette Transkriptom, also die Gesamtheit aller transkribierten Gene, der humanen Haut zu beschreiben.

Die Analyse der Genexpression ist zwar mit der Quantifizierung spezifischer mRNA-Moleküle möglich (z.B. Northern-Blot, RNase-Schutzexperimente). Mit diesen Techniken können jedoch nur eine relativ begrenzte Anzahl an Genen gemessen werden.

Die am Markt befindlichen kosmetischen Antiage-Produkte üben ihre Wirkungen auf einen der wenigen bekannten Marker der extrinsischen Hautalterung, wie z.B. die Kollagensynthese, die Kollagenaseaktivität oder Kollagenaseinhibitoren aus.

Ein Verständnis der komplexen Alterungsprozesse in der Haut und die Identifikation geeigneter Markerproteine gestattet die gezielte Suche nach Substanzen oder Kombinationen von Substanzen mit einem breiten Antiage-Wirksamkeitsspektrum. Produktkonzepte dieser Art

konnten jedoch bis zu dem jetzigen Zeitpunkt nicht entwickelt werden, da eine Vielzahl der Hautalterungsmarker noch nicht bekannt waren.

Bisherige Untersuchungen zur Identifikation von Alterungsmarkern wurden unter Verwendung artifizieller Systeme durchgeführt. Die WO 99/52929 (Lifespan Bioscience Inc.) und die Arbeit von Danit, L. et al., (2000), Science 287, S. 2486-2492, beschreiben die Identifikation von Alterungsmarkern aus isolierten und anschließend *in vitro* kultivierten Fibroblasten der Haut. Die Zellen sind dabei nicht mehr in ihrer natürlichen Umgebung in der sich nur extrem langsam teilen, sondern teilen sich relativ schnell und stellen dabei ihre Genexpression um. Ein weiterer entscheidender Punkt ist die Tatsache, dass Fibroblasten in der Haut dem Einfluss benachbarter Hautzellen ausgesetzt sind, welches bei isolierten und *in vitro* kultivierten Zellen nicht mehr der Fall ist.

Es besteht daher ein Bedarf an der Identifikation möglichst vieler, vorzugsweise aller, für die Alterung der Haut wichtigen Gene.

Aufgabe der vorliegenden Erfindung ist es daher, einen möglichst großen Teil der für die Hautalterung und/oder den Hautstreß bedeutsamen Gene zu identifizieren. Außerdem sollen mittels der identifizierten Gene Verfahren zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung bereitgestellt werden.

Diese erste Aufgabe wird erfindungsgemäß gelöst durch ein Verfahren (1) zur Identifizierung der für die Hautalterung und/oder den Hautstreß bedeutsamen Gene bei Menschen oder Tieren *in vitro*, dadurch gekennzeichnet, daß man

- a) ein erstes Gemisch von in menschlicher oder tierischer Haut exprimierten, d. h. transkribierten und gegebenenfalls auch translatierten genetisch codierten Faktoren, also von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen aus junger menschlicher oder tierischer Haut gewinnt,
- b) ein zweites Gemisch von in menschlicher oder tierischer Haut exprimierten, d. h. transkribierten und gegebenenfalls auch translatierten genetisch codierten Faktoren, also von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen aus alter menschlicher oder tierischer Haut gewinnt und

- c) die in a) und b) gewonnenen Gemische einer Seriellen Analyse der Genexpression (SAGE) unterwirft, und dadurch die Gene identifiziert, die in alter und junger Haut unterschiedlich stark (differentiell) exprimiert werden.

Das erfindungsgemäße Verfahren läßt sich ebenso wie die weiteren Gegenstände der Erfindung bevorzugt auf menschliche Haut anwenden, aber auch auf tierische Haut sowie auf Hautmodelle auf der Basis menschlicher oder tierischer Haut übertragen.

Zur Erfassung des Transkriptoms der Haut wurde die Technik der „Seriellen Analyse der Genexpression“ (SAGE™) eingesetzt. Diese Technik erlaubt gleichzeitig die Identifikation und Quantifizierung aller in der Haut exprimierten Gene. Der Vergleich des Transkriptoms junger Haut, mit dem Transkriptom alter Haut lässt die Unterscheidung zwischen relevanten und nicht relevanten Genen der Hautalterung zu.

Für die SAGE™-Analyse wurde humane Haut von gesunden weiblichen Spendern verwendet. Die Durchführung der SAGE™-Analyse erfolgte wie in der EP-A-0 761 822 und bei Velculescu, V.E. et al., 1995 Science 270, 484-487, beschrieben. Analysiert wurden zwei SAGE™-Libraries aus humaner Haut verschiedener Altersgruppen. Die erste Library stammt von einer 29-jährigen Probandin (30048 Tags), die andere Library von einer 69-jährigen Probandin (32840 Tags). Zur weiteren Analyse wurden beide SAGE™-Libraries auf die durchschnittliche tag-Anzahl normiert (31594 Tags). Die beiden Libraries wurden miteinander verglichen, um Gene mit einer altersabhängigen Regulation zu identifizieren. Wie für zwei Libraries desselben Gewebetyps erwartet, ist das Tag-Repertoire der beiden Haut-Libraries weitgehend ähnlich.

Zunächst fällt auf, dass die Library aus junger Haut eine deutliche Überexpression von Kollagenen aufweist. Einige Kollagene weisen mehrere alternative poly-Adenylierungen auf, die resultierenden tags zeigen jeweils konsistente Ergebnisse.

So ist z.B. Kollagen (I) $\alpha 1$ in der jungen Haut um einen Faktor 4-5 überexprimiert, Kollagen (I) $\alpha 2$ um einen Faktor von 4, und Kollagen (III) $\alpha 1$ um einen Faktor 8.

Weitere Genklassen, die der jungen Haut überexprimiert sind entsprechen Marker-Proteinen z.B. des Cytoskeletts. So sind u. a. Transgelin, Desmin, Actin, Myosin, Calponin und Tropomyosin zwischen 6-fach und 37-fach überrepräsentiert.

Im Gegensatz dazu sind in der Library aus alter Haut einige Keratine und andere Keratinocyten-spezifische Gene überrepräsentiert. Die in beiden Libraries stark exprimierten epidermalen Keratine 5, 10 und 14 sind z. B. etwa 2-fach stärker in der alten Haut vertreten, während das ebenfalls stark-exprimierte Keratin 1 diese Tendenz nicht zeigt.

Stratifin, Desmocollin, MMP2 (Gelatinase) und CLSP (Keratinocyten-spezifisches Calmodulin) sind 5- bis 8-fach überrepräsentiert.

Die Tabellen 1 bis 4 enthalten eine detaillierte Auflistung der mit Hilfe des erfindungsgemäßen Verfahrens ermittelten, in alter und junger Haut differentiell exprimierten Gene unter Angabe

- einer laufenden Ordnungsnummer in Spalte 1,
- der verwendeten Tag-Sequenz in Spalte 2,
- der ermittelten relativen Expressionsfrequenz in junger Haut in Spalte 3,
- der ermittelten relativen Expressionsfrequenz in alter Haut in Spalte 4,
- des Quotienten der Frequenzen (aus Spalte 3 und Spalte 4) in Spalte 5,
- der Signifikanz in Spalte 6,
- der UniGene-Accession-Number in Spalte 7 und
- einer Kurzbeschreibung des Gens bzw. Genproduktes in Spalte 8.

Der Quotient in Spalte 5 gibt die Stärke der differentiellen Expression an, d. h., um welchen Faktor das jeweilige Gen in junger Haut stärker exprimiert wird, als in alter Haut, oder umgekehrt.

Unter ihrer UniGene-Accession-Number sind die jeweiligen Gene bzw. Genprodukte in der Datenbank des National Center for Biotechnology Information (NCBI) offenbart. Diese Datenbank ist im Internet unter folgender Adresse zugänglich:
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>.

Die Gene bzw. Genprodukte sind außerdem unter den Internet-Adressen

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/UniGene/Hs.Home.html> oder
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/guide> direkt zugänglich.

In Tabelle 1 sind alle Gene aufgelistet, die mindestens 2-fach und weniger als 5-fach differentiell exprimiert sind.

In Tabelle 2 sind alle Gene aufgelistet, die mindestens 5-fach und weniger als 7-fach differentiell exprimiert sind.

In Tabelle 3 sind alle Gene aufgelistet, die mindestens 7-fach und weniger als 10-fach differentiell exprimiert sind.

In Tabelle 4 sind alle Gene aufgelistet, die mindestens 10-fach differentiell exprimiert sind.

In Tabelle 5 sind Gene aufgelistet, die mindestens 2-fach differentiell exprimiert sind; denen jedoch kein Datenbankeintrag zugeordnet werden konnte und die somit nur durch die Tag-Sequenz in Spalte 2 identifizierbar sind.

In Tabelle 6 sind Gene aufgelistet, die mindestens 2-fach differentiell exprimiert sind und die in Spalte 2 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder in Spalte 3 durch ihre Swissprot- oder TREMBL-Nummer, oder in Spalte 4 durch ihre EMBL/Genbank-Nummer definiert werden.

In Tabelle 7 sind Gene aufgelistet, die zwischen 2,89- und 11,10-fach differentiell exprimiert sind. Die Zuordnung der Tags zu den Genen, die durch Ihre UniGene-Accession-Number in Spalte 6 definiert werden, erfolgte durch manuelle Annotation.

Zur Annotation wurden folgende Datenbanken verwendet:

1. Unigene - Version vom 30.10.01 mit folgenden Datenbankeinträgen:

- a. der bekannten Gene aus Genbank (Stand: 12.10.01)
- b. der EST's aus dbEST (Stand: 19.10.01)

2. mRNA - Version released am 17.10.01

Die Datenbanken wurden vom NCBI heruntergeladen, für eine lokale Version des BLAST-Programmes (ebenfalls NCBI) formatiert und mit den in der SAGE-Analyse detektierten Tags auf identische Hits verglichen.

Die gefundenen Gene/Klone wurden auf Redundanz geprüft und wie nachfolgend aufgeführt nachbearbeitet:

1. Tag-Sequenzen mit mehreren unterschiedlichen Treffern: Bewertung als nicht annotierbar.
2. Tag-Sequenzen mit doppelten oder mehreren identischen Treffern: Eliminierung der Treffer, die am weitesten vom Poly-A-Tail entfernt lagen.

Zunächst wurden die Ergebnisse aus der Unigene-Datenbank ausgewertet und dann mit den Ergebnissen aus der mRNA-Datenbank abgeglichen. Letztere tauchen in der Tabelle 7 nicht auf, da sie auch über die Unigene-Einträge abrufbar sind.

Alle in der Ergebnistabelle aufgeführten Links wurden auf der im folgenden dokumentierten Datenbasis des 30.10.2001 (Unigene-Datenbankrelease: UniGene Build #143) überprüft:

Sequences Included in UniGene

=====

Known genes are from GenBank (Oct 12, 2001)

ESTs are from dbEST through 19-Oct-2001

69367 mRNAs + gene CDSs

1147828 EST, 3'reads

1196006 EST, 5'reads

+ 598081 EST, other/unknown

3011282 total sequences in clusters

Final Number of Clusters (sets)

=====

96332 sets total

20516 sets contain at least one known gene

95171 sets contain at least one EST

19355 sets contain both genes and ESTs

Release Notes

=====

Die durch ihre Swissprot- bzw. TREMBL-Nummern definierten Gene oder Genprodukte sind im Internet unter folgenden Adressen offenbart:

<http://www.ebi.ac.uk/swissprot/> oder

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>.

Die durch ihre EMBL/Genbank-Nummern definierten Gene oder Genprodukte sind im Internet unter folgender Adresse offenbart:

<http://ncbi.nlm.nih.gov/>.

Die zweite der vorliegenden Erfindung zugrundeliegende Aufgabe wird erfindungsgemäß gelöst durch ein Verfahren (2) zur Bestimmung des Hautstreiß und/oder der Hautalterung bei Menschen oder Tieren, insbesondere bei Frauen, in vitro, das dadurch gekennzeichnet ist, daß man

- a) ein Gemisch von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen aus menschlicher oder tierischer Haut gewinnt,
- b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die mittels Serieller Analyse der Genexpression (SAGE) als in alter und junger Haut differentiell exprimiert identifiziert werden,
- c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den mittels Serieller Analyse der Genexpression (SAGE) identifizierten Expressionsmustern vergleicht und

d) das in b) untersuchte Gemisch alter bzw. gestreßter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in alter bzw. gestreßter Haut stärker exprimiert werden als in junger bzw. ungestreßter Haut, oder das in b) untersuchte Gemisch junger bzw. ungestreßter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in junger bzw. ungestreßter Haut stärker exprimiert werden als in alter bzw. gestreßter Haut.

Es kann in Schritt b) des Verfahrens zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung ausreichend sein, das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen zu untersuchen, die mittels Serieller Analyse der Genexpression (SAGE) als in alter und junger Haut differentiell exprimiert identifiziert werden, wenn diese ausschließlich in alter oder ausschließlich in junger Haut exprimiert werden. In allen anderen Fällen muß in Schritt b) auch die Menge der differentiell exprimierten Moleküle untersucht werden, d. h., die Expression muß quantifiziert werden.

In Schritt d) des Verfahrens zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung wird das in b) untersuchte Gemisch alter bzw. gestreßter Haut zugeordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in alter bzw. gestreßter Haut stärker exprimiert werden als in junger bzw. ungestreßter Haut, d. h., daß das Gemisch entweder mehr unterschiedliche typischerweise in alter Haut exprimierte Verbindungen enthält, als solche, die typischerweise in junger Haut exprimiert werden (qualitative Differenzierung), oder mehr Kopien von typischerweise in alter Haut exprimierten Verbindungen enthält, als typischerweise in junger Haut vorhanden sind (quantitative Differenzierung). Für die Zuordnung zu junger bzw. ungestreßter Haut wird in komplementärer Weise verfahren.

Eine bevorzugte Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung ist dadurch gekennzeichnet, daß man in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Protei-

nen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,
in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in den Tabellen 1 bis 4 in den Spalten 3 und 4 angegebenen relativen Expressionsfrequenzen sowie den in Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und
in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch alter bzw. gestreifter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in alter bzw. gestreifter Haut mindestens doppelt so stark exprimiert werden wie in junger bzw. ungestreifter Haut, oder das in b) untersuchte Gemisch junger bzw. ungestreifter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in junger bzw. ungestreifter Haut mindestens doppelt so stark exprimiert werden wie in alter bzw. gestreifter Haut.

Eine weitere bevorzugte Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Bestimmung des Hautstreichs und/oder der Hautalterung ist dadurch gekennzeichnet, daß man
in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in den Tabellen 2 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,
in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in den Tabellen 2 bis 4 in den Spalten 3 und 4 angegebenen relativen Expressionsfrequenzen sowie den in Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und
in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch alter bzw. gestreifter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in alter bzw. gestreifter Haut mindestens 5-fach so stark exprimiert werden wie in junger bzw. ungestreifter Haut, oder das in b) untersuchte Gemisch junger bzw. ungestreifter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in junger bzw. ungestreifter Haut mindestens 5-fach so stark exprimiert werden wie in alter bzw. gestreifter Haut.

Eine weitere bevorzugte Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Bestimmung des Hautstreichs und/oder der Hautalterung ist dadurch gekennzeichnet, daß man

in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in den Tabellen 3 und 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,

in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in den Tabellen 3 und 4 in den Spalten 3 und 4 angegebenen relativen Expressionsfrequenzen sowie den in Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und

in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch alter bzw. gestreifter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in alter bzw. gestreifter Haut mindestens 7-fach so stark exprimiert werden wie in junger bzw. ungestreifter Haut, oder das in b) untersuchte Gemisch junger bzw. ungestreifter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in junger bzw. ungestreifter Haut mindestens 7-fach so stark exprimiert werden wie in alter bzw. gestreifter Haut.

Eine weitere bevorzugte Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Bestimmung des Hautstreiß und/oder der Hautalterung ist dadurch gekennzeichnet, daß man in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in Tabelle 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,

in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in Tabelle 4 in den Spalten 3 und 4 angegebenen relativen Expressionsfrequenzen sowie den in Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und

in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch alter bzw. gestreifter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in alter bzw. gestreifter Haut mindestens 10-fach so stark exprimiert werden wie in junger bzw. ungestreifter Haut, oder das in b) untersuchte Gemisch junger bzw. ungestreifter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in junger bzw. ungestreifter Haut mindestens 10-fach so stark exprimiert werden wie in alter bzw. gestreifter Haut.

Eine weitere bevorzugte Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung ist dadurch gekennzeichnet, daß man in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in Tabelle 5 oder in Tabelle 7 in Spalte 2 durch ihre 11 Basen umfassende Tag-Sequenz definiert werden, in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in Tabelle 5 oder in Tabelle 7 in den Spalten 3 und 4 angegebenen relativen Expressionsfrequenzen sowie den in Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch alter bzw. gestreßter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in alter bzw. gestreßter Haut mindestens doppelt, insbesondere 5-fach, vorzugsweise 7-fach, besonders bevorzugt 10-fach so stark exprimiert werden wie in junger bzw. ungestreßter Haut, oder das in b) untersuchte Gemisch junger bzw. ungestreßter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in junger bzw. ungestreßter Haut mindestens doppelt, insbesondere 5-fach, vorzugsweise 7-fach, besonders bevorzugt 10-fach so stark exprimiert werden wie in alter bzw. gestreßter Haut.

Man kann den Zustand der Haut auch dadurch beschreiben, daß mehrere Marker (Expressionprodukte der für die Hautalterung und/oder den Hautstreß bedeutsamen Gene) quantifiziert werden, die dann untereinander in einem charakteristischen Verhältnis aktiv sein müssen, um junge Haut zu repräsentieren, bzw. in einem hiervon verschiedenen charakteristischen Verhältnis aktiv sein müssen, um alte Haut zu repräsentieren.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist daher ein Verfahren (3) zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung bei Menschen oder Tieren, insbesondere bei Frauen, in vitro, das dadurch gekennzeichnet ist, daß man

- a) ein Gemisch von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen aus menschlicher oder tierischer Haut gewinnt,
- b) in dem gewonnenen Gemisch mindestens zwei der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen quantifiziert, die mittels Verfahren (1) als für die Hautalterung und/oder den Hautstreß bedeutsam identifiziert werden,

- c) die Expressionsverhältnisse der mindestens zwei Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen zueinander bestimmt,
- d) die Expressionsverhältnisse aus c) mit den Expressionsverhältnissen vergleicht, die für die in b) quantifizierten Moleküle typischerweise in junger bzw. in alter Haut vorliegen, insbesondere mit den Expressionsverhältnissen, die sich aus den Tabellen 1 bis 5, Spalten 3 bzw. 4 ergeben, und
- e) das in a) gewonnene Gemisch alter bzw. gestreßter Haut zuordnet, wenn die Expressionsverhältnisse der untersuchten Haut den Expressionsverhältnissen in alter Haut entsprechen, oder das in a) gewonnene Gemisch junger bzw. ungestreßter Haut zuordnet, wenn die Expressionsverhältnisse der untersuchten Haut den Expressionsverhältnissen in junger Haut entsprechen.

Vorzugsweise gewinnt man in Schritt a) der erfindungsgemäßen Verfahren zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung das Gemisch aus einer Hautprobe, insbesondere aus einer Vollhautprobe oder aus einer Epidermisprobe. Hierbei eröffnet die Vollhautprobe umfassendere Vergleichsmöglichkeiten mit den gleichfalls aus Vollhaut gewonnenen SAGE-Libraries. Die Epidermisprobe ist hingegen leichter zu gewinnen, beispielsweise durch Aufbringen eines Klebbandes auf die Haut und Abreißen desselben, wie in der WO 00/10579 beschrieben, auf die hiermit in vollem Umfang Bezug genommen wird.

In einer weiteren Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung gewinnt man in Schritt a) das Gemisch mittels Mikrodialyse. Die Technik der Mikrodialyse wird beispielsweise in „Microdialysis: A method for measurement of local tissue metabolism“, Nielsen PS, Winge K, Petersen LM; Ugeskr Laeger 1999 Mar 22 161:12 1735-8; sowie in „Cutaneous microdialysis for human in vivo dermal absorption studies“, Anderson, C. et al. ; Drugs Pharm. Sci., 1998, 91, 231-244; und auch im Internet unter <http://www.microdialysis.se/techniqu.htm> beschrieben, worauf hiermit in vollem Umfang Bezug genommen wird.

Bei der Anwendung der Mikrodialyse führt man typischerweise eine Sonde in die Haut ein und beginnt mit einer geeigneten Trägerlösung die Sonde langsam zu spülen. Nach dem Abklingen der akuten Reaktionen nach dem Einstich liefert die Mikrodialyse Proteine,

mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen, die im extrazellulären Raum vorkommen und die, beispielsweise durch Fraktionierung der Trägerflüssigkeit, dann *in vitro* isoliert und analysiert werden können. Die Mikrodialyse ist weniger invasiv, als die Entnahme einer Vollhautprobe; sie ist aber nachteiligerweise auf die Gewinnung im extrazellulären Raum vorkommender Verbindungen beschränkt.

Eine weitere bevorzugte Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung ist dadurch gekennzeichnet, daß man in Schritt b) in Verfahren (2) die Untersuchung auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine oder Proteinfragmente; bzw. in Verfahren (3) die Quantifizierung mindestens zweier Proteine oder Proteinfragmente, mittels einer Methode durchführt, die ausgewählt ist unter

- i. Ein- oder zweidimensionaler Gelelektrophorese
 - ii. Affinitätschromatographie
 - iii. Protein-Protein-Komplexierung in Lösung
 - iv. Massenspektrometrie, insbesondere Matrix Assistierter Laser Desorptions Ionisation (MALDI) und insbesondere
 - v. Einsatz von Proteinchips,
- oder mittels geeigneter Kombinationen dieser Methoden.

Diese erfindungsgemäß einsetzbaren Methoden sind in dem Übersichtsartikel von Akhilesh Pandey und Matthias Mann: „Proteomics to study genes and genomes“, Nature, Volume 405, Number 6788, 837 - 846 (2000), und den dort angegebenen Referenzen beschrieben, worauf hiermit in vollem Umfang Bezug genommen wird.

Die 2D-Gelelektrophorese, wird beispielsweise in L.D. Adams, Two-dimensional Gel Electrophoresis using the Isodalt System oder in L.D. Adams & S.R. Gallagher, Two-dimensional Gel Electrophoresis using the O'Farrell System; beide in Current Protocols in Molecular Biology (1997, Eds. F.M. Ausubel et al.), Unit 10.3.1 - 10.4.13; oder in 2-D Electrophoresis-Manual; T. Berkelman, T. Senstedt; Amersham Pharmacia Biotech, 1998 (Bestell-Nr. 80-6429-60), beschrieben.

Die massenspektrometrische Charakterisierung der Proteine oder Proteinfragmente erfolgt in der Fachwelt bekannter Weise, beispielsweise wie in den folgenden Literaturstellen beschrieben:

Methods in Molecular Biology, 1999; Vol 112; 2-D Proteome Analysis Protocols; Editor: A. J. Link; Humana Press; Totowa; New Jersey. Darin insbesondere: Courchesne, P. L. und Patterson, S. D.; S. 487-512.

Carr, S. A. und Annan, R. S.; 1997; in: Current Protocols in Molecular Biology; Editor: Ausubel, F. M. et al.; John Wiley and Sons, Inc. 10.2.1-10.21.27.

Eine weitere bevorzugte Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren zur Bestimmung des Hautstres und/oder der Hautalterung ist dadurch gekennzeichnet, daß man in Schritt b) in Verfahren (2) die Untersuchung auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der mRNA-Moleküle oder mRNA-Molekülfragmente; bzw. in Verfahren (3) die Quantifizierung mindestens zweier mRNA-Moleküle oder mRNA-Molekülfragmente mittels einer Methode durchführt, die ausgewählt ist unter

- i. Northern Blots,
 - ii. Reverse Transkriptase Polymerasekettenreaktion (RT-PCR),
 - iii. RNase-Schutzexperimente,
 - iv. Dot-Blots,
 - v. cDNA-Sequenzierung,
 - vi. Klon-Hybridisierung,
 - vii. Differential Display,
 - viii. Subtraktive Hybridisierung,
 - ix. cDNA-Fragment-Fingerprinting,
 - x. Total Gene Expression Analysis (TOGA)
 - xi. Serielle Analyse der Genexpression (SAGE) und insbesondere
 - xii. Einsatz von Nukleinsäurechips,
- oder mittels geeigneter Kombinationen dieser Methoden.

Diese erfindungsgemäß einsetzbaren Methoden sind in den Übersichtsartikeln von Akhilesh Pandey und Matthias Mann: „Proteomics to study genes and genomes“, Nature,

Volume 405, Number 6788, 837 - 846 (2000), und „Genomics, gene expression and DNA arrays“, Nature, Volume 405, Number 6788, 827 - 836 (2000), und den dort angegebenen Referenzen beschrieben, worauf hiermit in vollem Umfang Bezug genommen wird.

Das TOGA-Verfahren ist in “J. Gregor Sutcliffe et al, TOGA: An automated parsing technology for analyzing expression of nearly all genes, Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America (PNAS), Vol. 97, No. 5, pp. 1976-1981 (2000)” beschrieben, worauf hiermit vollumfänglich Bezug genommen wird.

Es können jedoch erfindungsgemäß auch andere dem Fachmann bekannte Methoden zur Untersuchung auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen eingesetzt werden.

Eine weitere bevorzugte Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung ist dadurch gekennzeichnet, daß man in Schritt b) auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von 1 bis etwa 5000, bevorzugt 1 bis etwa 1000, insbesondere etwa 10 bis etwa 500, vorzugsweise etwa 10 bis etwa 250, besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 100 und ganz besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 50 der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die

- i. in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder die
- ii. in Tabelle 6 oder 8 in Spalte 2 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder in Spalte 3 durch ihre Swissprot- oder TREMBL-Nummer, oder in Spalte 4 durch ihre EMBL/Genbank-Nummer, oder in Tabelle 9 durch den Namen des Gens, oder die
- iii. in Tabelle 5 oder in Tabelle 7 in Spalte 2 durch ihre 11 Basen umfassende Tag-Sequenz definiert werden.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Test-Kit zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung bei Menschen oder Tieren in vitro, umfassend Mittel zur Durchführung der erfindungsgemäßen Verfahren zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Biochip zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung bei Menschen oder Tieren in vitro, umfassend

- i. einen festen, d. h. starren oder flexiblen Träger und
- ii. auf diesem immobilisierte Sonden, die zur spezifischen Bindung an mindestens eines der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen befähigt sind, die in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden, oder die in Tabelle 5 oder in Tabelle 7 in Spalte 2 durch ihre 11 Basen umfassende Tag-Sequenz definiert werden.

Bei einem BioChip handelt es sich um ein miniaturisiertes Funktionselement mit auf einer Oberfläche immobilisierten Molekülen, insbesondere Biomolekülen, die als spezifische Interaktionspartner dienen können.

Häufig weist die Struktur dieser Funktionselemente Reihen und Spalten auf; man spricht dann von Chip-"Arrays". Da tausende von biologischen bzw. biochemischen Funktionselementen auf einem Chip angeordnet sein können, müssen diese in der Regel mit mikrotechnischen Methoden angefertigt werden.

Als biologische und biochemische Funktionselemente kommen insbesondere in Frage: DNA, RNA, PNA, (bei Nukleinsäuren und ihren chemischen Derivaten können z. B. Einzelstränge, Triplex-Strukturen oder Kombinationen hiervon vorliegen), Saccharide, Peptide, Proteine (z. B. Antikörper, Antigene, Rezeptoren) und Derivate der kombinatorischen Chemie (z. B. organische Moleküle).

Im allgemeinen haben BioChips eine 2D-Basisfläche für das Beschichten mit biologisch oder biochemisch funktionellen Materialien. Die Basisflächen können beispielweise auch von Wänden einer oder mehrerer Kapillaren oder von Kanälen gebildet sein.

Zum Stand der Technik kann z. B. auf folgende Publikationen hingewiesen werden: Nature Genetics, Vol. 21, supplement (Gesamt), Jan. 1999 (BioChips); Nature Biotechnology, Vol. 16, S. 981-983, Okt. 1998 (BioChips); Trends in Biotechnology, Vol. 16, S. 301-306, Jul. 1998 (BioChips) sowie die bereits genannten Übersichtsartikel von Akhilesh Pandey und Matthias Mann: „Proteomics to study genes and genomes“, Nature, Volume 405, Number 6788, 837 - 846 (2000), und „Genomics, gene expression and DNA arrays“, Nature, Volume 405, Number 6788, 827 - 836 (2000), und die dort angegebenen Referenzen, worauf hiermit in vollem Umfang Bezug genommen wird.

Eine übersichtliche Darstellung der praktischen Anwendungsverfahren der DNA-Chiptechnologie liefern die Bücher „DNA Microarrays: A Practical Approach“ (Editor: Mark Schena, 1999, Oxford University Press) und „Microarray Biochip Technology“ (Editor: Mark Schena, 2000, Eaton Publishing), auf die hiermit in vollem Umfang Bezug genommen wird.

Die im Rahmen der vorliegenden Erfindung besonders bevorzugte DNA-Chiptechnologie beruht auf der Fähigkeit von Nukleinsäuren komplementäre Basenpaarungen einzugehen. Dieses als Hybridisierung bezeichnete technische Prinzip wird bereits seit Jahren bei der Southern-Blot- und Northern-Blot-Analyse eingesetzt. Im Vergleich zu diesen herkömmlichen Methoden, bei denen lediglich einige wenige Gene analysiert werden, gestattet es die DNA-Chiptechnologie einige hundert bis zu mehreren zehntausend Genen parallel zu untersuchen.

Ein DNA-Chip besteht im wesentlichen aus einem Trägermaterial (z.B. Glas oder Kunststoff), auf dem einzelsträngige, genspezifische Sonden in hoher Dichte an einer definierten Stelle (Spot) immobilisiert werden. Als problematisch wird dabei die Technik der Sonden-Applikation und die Chemie der Sonden-Immobilisierung eingeschätzt.

Nach dem derzeitigen Stand der Technik sind mehrere Wege der Sonden-Immobilisierung realisiert:

E.M. Southern (E.M. Southern et al. (1992), Nucleic Acid Research 20, 1679-1684 und E.M. Southern et al. (1997), Nucleic Acid Research 25, 1155-1161) beschreibt die Herstellung von Oligonukleotidanordnungen durch direkte Synthese an einer Glasoberfläche, die mit 3-Glycidoxypropyltrimethoxysilan und anschließend mit einem Glycol derivatisiert wurde.

Ein ähnliches Verfahren realisiert die *in situ* Synthese von Oligonukleotiden mittels einer photosensitiven, kombinatorischen Chemie, die mit photolithographischen Techniken verglichen werden kann (Pease, A.C. et al. (1994), Proc. Natl Acad Sci USA 91, 5022-5026).

Neben diesen auf der *in situ*-Synthese von Oligonukleotiden beruhenden Techniken können ebenso bereits vorhandene DNA-Moleküle an Oberflächen von Trägermaterial gebunden werden.

P.O. Brown (DeRisi et al. (1997), Science 278, 680-686) beschreibt die Immobilisierung von DNA an mit Polylysin beschichteten Glasoberflächen.

Die Veröffentlichung von L.M. Smith (Guo, Z. et al. (1994), Nucleic Acid Research 22, 5456-5465) legt ein ähnliches Verfahren offen: Oligonukleotide, die eine 5'terminale Aminogruppe tragen, können an eine Glasoberfläche gebunden werden, die mit 3-Aminopropyltrimethoxysilan und anschließend mit 1,4-Phenyldiisothiocyanat behandelt wurde.

Die Applikation der DNA-Sonden auf einem Träger kann mit einem sogenannten „Pin-Spotter“ erfolgen. Dazu tauchen dünne Metallnadeln mit z.B. einem Durchmesser von 250 µm, in Sondenlösungen ein und überführen anschließend das anhängende Probenmaterial mit definierten Volumina auf das Trägermaterial des DNA-Chips.

Bevorzugterweise erfolgt die Sondenapplikation jedoch mittels eines piezogesteuerten Nanodispensers, der ähnlich einem Tintenstrahldrucker, Sondenlösungen mit einem Volumen von 100 Picolitern kontaktfrei auf die Oberfläche des Trägermaterials aufbringt.

Die Immobilisierung der Sonden erfolgt z.B. wie in der EP-A-0 965 647 beschrieben: Die Generierung von DNA-Sonden erfolgt hierbei mittels PCR unter Verwendung eines sequenzspezifischen Primerpaares, wobei ein Primer am 5'-Ende modifiziert ist und einen Linker mit einer freien Aminogruppe trägt. Damit ist sichergestellt, dass ein definierter Strang der PCR-Produkte an einer Glasoberfläche gebunden werden kann, welche mit 3-Aminopropyltrimethoxysilan und anschließend mit 1,4-Phenyldiisothiocyanat behandelt wurde. Die genspezifischen PCR-Produkte sollen idealerweise eine definierte Nukleinsäuresequenz in einer Länge von 200-400 bp haben und nicht redundante Sequenzen beinhalten. Nach der Immobilisierung der PCR-Produkte über den derivatisierten Primer wird der Gegenstrang des PCR-Produkts durch eine Inkubation bei 96°C für 10 Min entfernt.

In einer für DNA-Chips typischen Anwendung wird mRNA aus zwei zu vergleichenden Zellpopulationen isoliert. Die isolierten mRNAs werden mittels reverser Transkription unter Verwendung von z.B. fluoreszenzmarkierten Nukleotiden in cDNA umgewandelt. Dabei werden die zu vergleichenden Proben mit z.B. rot bzw. grün fluoreszierenden Nukleotiden markiert. Die cDNAs werden dann mit den auf dem DNA-Chip immobilisierten Sonden hybridisiert und anschließend die gebundenen Fluoreszenzen quantifiziert.

Der erfindungsgemäße Biochip umfasst bevorzugt 1 bis etwa 5000, bevorzugtermaßen 1 bis etwa 1000, insbesondere etwa 10 bis etwa 500, vorzugsweise etwa 10 bis etwa 250, besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 100 und ganz besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 50 voneinander verschiedene Sonden. Die voneinander verschiedenen Sonden können jeweils in mehrfacher Kopie auf dem Chip vorhanden sein.

Der erfindungsgemäße Biochip umfasst bevorzugt Nukleinsäuresonden, insbesondere RNA- oder PNA-Sonden, besonders bevorzugt DNA-Sonden. Die Nukleinsäuresonden weisen bevorzugt eine Länge von etwa 10 bis etwa 1000, insbesondere etwa 10 bis etwa 800, vorzugsweise etwa 100 bis etwa 600, besonders bevorzugt etwa 200 bis etwa 400 Nukleotiden auf.

In einer weiteren bevorzugten Form umfasst der erfindungsgemäße Biochip Peptid- oder Proteinsonden, insbesondere Antikörper.

In einer weiteren bevorzugten Form umfasst der erfindungsgemäße Biochip Sonden, die zur spezifischen Bindung an mindestens eines der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen befähigt sind, die in Tabelle 6 oder 8 in Spalte 2 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder in Spalte 3 durch ihre Swissprot- oder TREMBL-Nummer, oder in Spalte 4 durch ihre EMBL/Genbank-Nummer, oder in Tabelle 9 durch den Namen des Gens definiert werden.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen, die

- i. in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder die

- ii. in Tabelle 6 oder 8 in Spalte 2 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder in Spalte 3 durch ihre Swissprot- oder TREMBL-Nummer, oder in Spalte 4 durch ihre EMBL/Genbank-Nummer, oder in Tabelle 9 durch den Namen des Gens, oder die
 - iii. in Tabelle 5 oder in Tabelle 7 in Spalte 2 durch ihre 11 Basen umfassende Tag-Sequenz definiert werden
- als Streß- und/oder Alterungsmarker der Haut bei Menschen oder Tieren.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Testverfahren zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstreß und/oder Hautalterung in vitro, dadurch gekennzeichnet, daß man

- a) den Hautstatus durch ein erfindungsgemäßes Verfahren zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung, oder mittels eines erfindungsgemäßen Test-Kits zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung, oder mittels eines erfindungsgemäßen Biochips bestimmt,
- b) einen Wirkstoff gegen Hautstreß und/oder Hautalterung einmal oder mehrmals auf die Haut aufbringt,
- c) erneut den Hautstatus durch ein erfindungsgemäßes Verfahren zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung, oder mittels eines erfindungsgemäßen Test-Kits zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung, oder mittels eines erfindungsgemäßen Biochips bestimmt, und
- d) die Wirksamkeit des Wirkstoffs durch den Vergleich der Ergebnisse aus a) und c) bestimmt.

Zur Beschleunigung des Testverfahrens ist es auch möglich, verschiedene Wirkstoffe oder Placebos parallel auf verschiedene Hautareale aufzubringen; beispielsweise einen Wirkstoff auf den linken Unterarm und ein Placebo auf den rechten Unterarm, oder umgekehrt.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Test-Kit zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstreß und/oder Hautalterung in vitro, umfassend Mittel zur Durchführung des erfindungsgemäßen Testverfahrens.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen, die

- i. in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder die
 - ii. in Tabelle 6 oder 8 in Spalte 2 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder in Spalte 3 durch ihre Swissprot- oder TREMBL-Nummer, oder in Spalte 4 durch ihre EMBL/Genbank-Nummer, oder in Tabelle 9 durch den Namen des Gens, oder die
 - iii. in Tabelle 5 oder in Tabelle 7 in Spalte 2 durch ihre 11 Basen umfassende Tag-Sequenz definiert werden
- zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstreß und/oder Hautalterung.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Screening-Verfahren zur Identifikation von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstreß und/oder Hautalterung in vitro, dadurch gekennzeichnet, daß man

- a) den Hautstatus durch ein erfindungsgemäßes Verfahren zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung, oder mittels eines erfindungsgemäßen Test-Kits zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung, oder mittels eines erfindungsgemäßen Biochips bestimmt,
- b) einen potentiellen Wirkstoff gegen Hautstreß und/oder Hautalterung einmal oder mehrmals auf die Haut aufbringt,
- c) erneut den Hautstatus durch ein erfindungsgemäßes Verfahren zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung, oder mittels eines erfindungsgemäßen Test-Kits zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung, oder mittels eines erfindungsgemäßen Biochips bestimmt, und
- d) wirksame Wirkstoffe durch den Vergleich der Ergebnisse aus a) und c) bestimmt.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen, die

- i. in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder die

- ii. in Tabelle 6 oder 8 in Spalte 2 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder in Spalte 3 durch ihre Swissprot- oder TREMBL-Nummer, oder in Spalte 4 durch ihre EMBL/Genbank-Nummer, oder in Tabelle 9 durch den Namen des Gens, oder die
 - iii. in Tabelle 5 oder in Tabelle 7 in Spalte 2 durch ihre 11 Basen umfassende Tag-Sequenz definiert werden,
- zur Identifikation von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstreß und/oder Hautalterung.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Verfahren zur Herstellung einer kosmetischen oder pharmazeutischen Zubereitung gegen Hautstreß und/oder Hautalterung, dadurch gekennzeichnet, daß man

- a) wirksame Wirkstoffe mit Hilfe des erfindungsgemäßen Screening-Verfahrens, oder der Verwendung zur Identifikation von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstreß und/oder Hautalterung bestimmt und
- b) als wirksam befundene Wirkstoffe mit kosmetisch und pharmakologisch geeigneten und verträglichen Trägern vermischt.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist eine kosmetische oder pharmazeutische Zubereitung gegen Hautstreß und/oder Hautalterung, enthaltend mindestens ein Nukleinsäurekonstrukt, das geeignet ist, die Aktivität mindestens eines der Proteine zu unterdrücken oder zu verringern, die in alter bzw. gestreßter Haut stärker exprimiert werden als in junger bzw. ungestreßter Haut, oder die Aktivität mindestens eines der Proteine zu induzieren oder zu verstärken, die in junger bzw. ungestreßter Haut stärker exprimiert werden als in alter bzw. gestreßter Haut.

Vorzugsweise sind die Proteine ausgewählt unter denen, die in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder die in Tabelle 6 oder 8 in Spalte 2 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder in Spalte 3 durch ihre Swissprot- oder TREMBL-Nummer, oder in Spalte 4 durch ihre EMBL/Genbank-Nummer, oder in Tabelle 9 durch den Namen des Gens, oder die in Tabelle 5 oder in Tabelle 7 in Spalte 2 durch ihre 11 Basen umfassende Tag-Sequenz definiert werden.

Das Nukleinsäurekonstrukt ist bevorzugtermaßen ausgewählt unter DNA, RNA oder PNA. Möglich sind aber auch lineare Kombinationen dieser Nukleinsäuren oder Hybridmoleküle, beispielsweise RNA/DNA-Hybride. Das Nukleinsäurekonstrukt ist außerdem vorzugsweise ausgewählt unter proteinkodierenden Sequenzen, Ribozymen, Antisense-Nukleinsäuren, Triple-Helix-Bildnern und rRNA.

Die erfindungsgemäße Zubereitung kann etwa 1000, insbesondere etwa 10 bis etwa 500, vorzugsweise etwa 10 bis etwa 250, besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 100 und ganz besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 50 voneinander verschiedene Nukleinsäurekonstrukte enthalten.

Das Nukleinsäurekonstrukt liegt in der erfindungsgemäßen Zubereitung insbesondere in Lipidvesikeln eingeschlossen vor, beispielsweise in Liposomen, Niosomen oder Transferosomen, vorzugsweise in Liposomen.

Als Nukleinsäurekonstrukte im Sinne der Erfindung kommen in Betracht DNA und RNA Sequenzen, die für einen der Altersmarker kodieren und Konstrukte dieser Polynukleotide.

Diese werden nach ihrem Transport in die Zellen der Haut transkribiert und/oder translatiert und führen zur verstärkten Expression des von ihnen codierten Proteins.

Die Erfindung umfasst auch Teilsequenzen von Altersgenen sowie Gene deren Sequenz im Vergleich zu den genannten Altersgenen durch gerichtete oder andere Arten der Mutagenese verändert wurde.

Eine Reihe von Techniken zur Veränderung von klonierten Genen sind bekannt und beschrieben z.B. in „Current Protocols in Molecular Biology“, Volume 1, Chapter 8, Ausubel et al. (Hrsg.), John Wiley & Sons, Inc (2001). Diese Veränderungen können so ausgeführt werden, daß das nach Transkription und/oder Translation resultierende Protein die identische Aminosäuresequenz besitzt, wie das Protein, das ohne diese Mutation resultieren würde (Redundanz des genetischen Codes). Das veränderte Gen kann aber auch zur Expression eines Proteins mit veränderter Aminosäuresequenz führen, so daß dessen biologische Aktivität verändert, z.B. verstärkt oder verringert ist.

Darüberhinaus kommen als Polynukleotide zur Einschleussung in die Haut DNA und RNA Sequenzen in Betracht, die einen Teil der Sequenz eines oder mehrerer der genannten Gene umfassen und selbst eine gewünschte biologische Aktivität besitzen (z.B. anti-sense RNA, rRNA oder kurze doppelsträngige DNA-Moleküle).

Jedes erfindungsgemäß verwendbare Gen, bevorzugt aber solche, die in der Altershaut als schwach exprimiert gefunden wurden, kann mit dem Ziel seiner verstärkten Expression in die Zellen der Haut eingeschleusst werden.

Jedes Konstrukt aus einem der erfindungsgemäß verwendbaren Gen, funktionell verknüpft mit einem eukaryotischen Promotor, kann verwendet werden.

Die Konstrukte mit einem der Altersgene können beliebige eukaryotische Expressionkonstrukte sein. Beispielsweise können bakterielle Plasmide, virale Konstrukte oder andere DNA-Konstrukte genetisch modifiziert werden, so daß ein rekombinantes DNA- (oder RNA-) Molekül entsteht, welches eine Sequenz enthält, die für eines der Altersgene codiert und das gewünschte Genprodukt in Zellen der Haut exprimiert.

Bevorzugt sind Konstrukte, die die Fähigkeit zur Replikation sowohl in eukaryotischen als auch in prokaryotischen Wirtszellen besitzen. Solche Konstrukte sind Stand der Technik und kommerziell erhältlich.

Die erfindungsgemäße Zubereitung wird vorzugsweise auf die Haut appliziert. Die in ihr enthaltene DNA kann entweder linear oder zirkulär sein, vorzugsweise handelt es sich um zirkuläre DNA-Moleküle. Das Polynukleotid oder das Polynukleotid-enthaltende Konstrukt kann nach bekannten Methoden vervielfältigt und gereinigt werden und wird als pures Molekül oder in einer der u.g. Formulierungen verwendet.

Bevorzugt sind Konstrukte, die einen Promotor tragen, welcher eine Expression der interessierenden DNA ermöglicht. In Abhängigkeit von der Art des Gens und dem Zweck seiner Anwendung können verschiedene Promotoren verwendet werden. Starke, konstitutive Promotoren können verwendet werden, wie z.B. der Promotor des „immediate early

gene“ von Cytomegalovirus (CMV) oder der Promotor des „long terminal repeat“ des Rous Sarcoma Virus (RSV).

Alternativ können gewebespezifische Promotoren oder zelltypspezifische Promotoren eingesetzt werden. Beispielsweise kann der Promotor so gewählt sein, daß er die spezifische Expression in Hautzellen oder bestimmten Hautzell-Typen bewirkt. Beispiele für gewebespezifische oder zelltypspezifische Promotoren sind u.a. die Keratin-Promotoren (z.B. humanes Keratin 14 Promotor (Wang et al. 1997 Proc. Natl. Acad. Sci US 94:219-226)) oder Tyrosinase Promotoren (spezifisch für Melanocyten).

Alternativ können induzierbare Promotoren verwendet werden.

Die Konstrukte können neben den Promotoren noch andere Elemente enthalten, die die transkriptionale oder translationale Expression des Genprodukts verstärken. Beispielsweise kann das Konstrukt eine „internal ribosomal entry site“ (IRES) beinhalten, um die Translation der stromabwärts liegenden Sequenz zu verstärken (siehe Murakami et al. 1997, Gene 202:23-29). Weitere Komponenten, die auf dem Konstrukt vorhanden sein können umfassen Marker (z.B. Antibiotikaresistenz-Gene wie das Ampicillin-Resistenz Gen) zur Selektion von Zellen die das Konstrukt enthalten, einen Replikationsursprung der die stabile Replikation des Konstrukts in prokaryotischen Zellen bewirkt, ein Kern-Lokalisierungs Signal oder andere Elemente, die die Produktion des DNA-Konstrukts und/oder des codierten Proteins unterstützen.

Die Konstrukte können auch ein Polyadenylierungs-Signal enthalten. Die Sequenz eines solchen Signals kann ausgewählt werden aus verschiedenen bekannten Polyadenylierungs-Signalen. Ein bevorzugtes Beispiel ist das SV40 early Polyadenylierungs-Signal.

Die Konstrukte können auch ein oder mehrere Introns beinhalten, welche die Expression der DNA verstärken kann.

Die Erfindung umfasst auch Konstrukte, die für Fusionsproteine eines der Altersmarker mit einem zweiten Protein oder für ein Fusionsprotein aus zwei Altersmarkern codieren.

Bevorzugte Nukleinsäurekonstrukte sind solche mit mehreren Expressionskassetten, auf denen zwei oder mehr Altersmarker codiert sind, oder die eines der Altersgene und ein Gen für ein weiteres Protein kodieren.

Auch die Co-Transfektion mit einem oder mehreren weiteren Vektoren, die die Expression des interessierenden Gens unterstützen können ist möglich.

Vektoren, die eines oder mehrere der genannten Merkmale tragen und darüber hinaus auch noch weitere funktionelle Einheiten beinhalten können sind vielfach in der Literatur beschrieben und kommerziell erhältlich. Solche Vektoren sind z.B. pCI und pSI (Promega GmbH) oder pDEST (Gibco BRL).

Die Sequenzen der erfindungsgemäß bestimmbaren und insbesondere die, der in den Tabellen 1 bis 9 aufgeführten Altersgene und Teilsequenzen der Gene können zur selektiven Inhibierung der Expression einzelner Gene genutzt werden.

Bevorzugte Targets für die Inhibierung der Expression sind solche, die in der Altershaut als verstärkt exprimiert gefunden wurden. Oligo- und Polynukleotide, die für diesen Zweck geeignet sind umfassen Antisense-Nukleotide, Ribozym-Nukleotide und doppelsträngige RNAs.

Antisense-Nukleotide sind wohlbekannt in ihrer Eigenschaft mit sense-Strängen der mRNA zu hybridisieren und dadurch mit der Expression der mRNA zu interferieren (siehe z.B. Wingers et al., Laboratory Investigation 79, 1415-1424 (1999). Einen Überblick über die Anwendung von Antisense-Nukleotiden in der Haut gibt Wraight et al., Pharmacol & Ther 90, 89-104 (2001).

Ribozym-Nukleinsäuren sind ebenfalls bekannt als einzelsträngige RNA-Moleküle, die die Fähigkeit besitzen, ssRNA und ssDNA selektiv zu spalten, und dadurch die Expression der Targetmoleküle selektiv zu inhibieren.

Post-transkriptionale Gen-Repression kann ebenfalls durch doppelsträngige RNAs hervorgerufen werden. Diese dsRNAs interferieren mit der Ziel-RNA nach Spaltung in kürze-

re Segmente durch Ribonuklease III. Ebenso können zur Gen-Repression Duplexe aus kurzen RNA-Sequenzen verwendet werden (S.M. Elbashir et al., Nature 411,494-498 (2001)). Auch diese doppelsträngigen RNA-Moleküle können im Sinne der Erfindung zur Repression der gefundenen Altersgene verwendet werden.

Unmodifizierte DNA oder RNA-Moleküle unterliegen in Gewebe oder Zellen einem schnellen Abbau. Um die Resistenz von Oligo-oder Polynukleotiden gegenüber Abbau durch Nukleasen zu erhöhen, wurden Modifizierungen entwickelt, die entweder das Rückgrat oder die Pyridin- bzw. Pyrimidinbasen eines Oligonukleotids betreffen. Solche modifizierten DNA- oder RNA-Sequenzen können ebenfalls im Sinne der Erfindung verwendet werden. Geeignete Modifizierungen sind z.B. Phosphorthioate, Methylphosphonate oder Peptid-Verknüpfungen (PNAs) für das Zucker-Rückgrat sowie C5-propynyl-dU, dC für die Nukleosid-Basen.

Die DNA oder RNA-Moleküle der Erfindung können z.B. topisch appliziert werden. Die Moleküle können dabei entweder ohne weitere die Penetration beeinflussende Substanzen angewendet werden, oder im Gemisch bzw. assoziiert mit Molekülen, welche die Penetration durch das stratum corneum und die Transfektion der Zellen der Haut beeinflussen.

Eine bevorzugte Ausführung der topischen Applikation der Altersgene ist die in einer Formulierung mit Lipiden, wahlweise in Gemisch mit Surfactants, bevorzugt in Form von Liposomen.

Dabei enthält die Formulierung etwa 0,1 µg – 5 mg DNA oder RNA pro mg Liposom. Die Bestandteile der Liposomen können neutral oder geladen sein und in Form von z.B. multilamellaren Vesikeln oder unilamellaren Vesikeln vorliegen.

Geeignete Lipide für die Herstellung von Liposomen sind z.B. natürliches Phosphatidylcholin, welches beispielsweise aus Ei, Sojabohne, Oliven, Kokosnuß, Walfett, Safran, Leinsamen, Nachtkerze oder Primel gewonnen werden kann. Weitere geeignete Lipide sind z.B. natürliches oder synthetisches Phosphatidylethanolamin, synthetisches Phosphatidylcholin, Phosphatidsäuren oder ihre Ester, Phosphatidylserin und Phosphati-

dyl(poly)alkohole, wie z.B. Phosphatidylinisol oder Phosphatidylglycerol. Beispiele für die genannten Lipide sind DPPC (Dipalmitoylphosphatidylcholin), DOPE (Dioleoylphosphatidylethanolamin), DOTMA (N[1-(2,3,dioleoyloxy)propyl]-N,N,N trimethylammoniumchlorid), DOTAB (N-1-(2,3-Dioleoyloxy)propyl N,N,N-trimethylammoniumchlorid), DPPA (Dipalmitoylphosphatidsäure), DPPG (Dipalmitoylphosphatidylglycerol).

Auch einzelne oberflächeaktive Verbindungen, welche z.B. als Detergenzien oder Emulgatoren verwendet werden, können zur Bildung von Liposomen eingesetzt werden. Beispiele hierfür sind DODAC (Diocadecylammoniumchlorid) und CTAC (Cetyltrimethylammoniumchlorid). Geeignete Bestandteile von Liposomen und Herstellungsverfahren sind in der Literatur beschrieben (siehe z.B. „Liposome Drug Delivery Systems“, G. Betageri (Hrsg.), Lancaster Techonomic Publishing Company (1993) oder „Liposome Technology“, Gregoriadis (Hrsg.), CRC Press). Neben Liposomen können auch andere Lipidvesikel wie beispielsweise Niosomen und Transfersomen (siehe z.B. WO9817255) eingesetzt werden.

Die Penetrationsfähigkeit der DNA- und RNA-Moleküle kann durch die vorherige oder gleichzeitige Applikation von Penetrationsenhancern verbessert werden. Chemische penetrationsenhancer sind in der Literatur zahlreich beschrieben (siehe z.B. M. Foldvari, PSTT 3, 417-425 (2000) oder N. Kanikkannan, Curr Med. Chem. 7, 593-608 (2000)). Geeignete Penetrationsenhancer sind u.a. organische Lösungsmittel (z.B. Ethanol), Pyrrolidone, Sulfoxide (z.B. DMSO), Fettsäuren (gesättigte oder ungesättigte, verzweigte oder unverzweigte mit einer bevorzugten Kettenlänge von 8-18), Terpene (z.B. L-Menthol oder 1,8-Cineol) Surfactants (z.B. Polysorbate (Tween), Polyethylenalkylphenole (Brij), Alkylethersulfate sowie Betaine und amphotere Glycinate).

Weiterhin kommen zur Verbesserung der Penetration von Oligo- oder Polynukleotiden im Sinne der Erfindung auch invasive oder minimal-invasive Methoden in Betracht. Zu den gängigen minimal-invasiven Methoden gehören die Elektroporation und die Iontophorese. Bei beiden Methoden wird mit Hilfe von Elektroden eine Spannung an der Oberfläche der Haut angelegt. Die Elektroporation nutzt einen kurzen Puls hoher Spannung zur Permeabilisierung der Haut. Bei der Iontophorese kommt zu diesem Zweck eine kleine Spannung mit konstantem Strom zum Einsatz.

Ultraschall von geringer Frequenz kann ebenfalls verwendet werden, um die Permeabilität der Haut für DNA oder RNA zu erhöhen.

Die folgenden Ausführungsbeispiele verdeutlichen die Erfindung, ohne sie jedoch darauf einzuschränken:

Beispiel 1

Herstellung von Liposomen-DNA-Komplexen

18,6 µl (25 µmol) DOPE und 0,0175 g DOTAP (25 µmol) werden zusammen in 1 ml Ethanol gelöst. Die Lösung wird über Nacht in Eksikkator eingetrocknet und die Lipidmischung anschließend in 3 ml PBS (58 mM NaHPO₄, 17 mM NaH₂PO₄, 69 mM NaCl, pH 7,4) unter Lichtausschluss für 3-4 h unter gelegentlichem Mischen rehydratisiert. Die so entstandene Lipiddispersion wird 2 mal für je 5 min im Ultraschallbad beschallt mit einer zwischenzeitlichen 2-stündigen Pause. 6,1 µl der entstandenen Liposomen-Dispersion werden mit 1,5 ml PBS verdünnt und mit 20 µg Plasmid gelöst in 1,5 ml HBS (150 mM NaCl, 20 mM Hepes, pH 7,4) gemischt. Die bei Zugabe der Plasmid-Lösung zu der Liposomen-Dispersion entstehende stärkere Trübung gibt einen Hinweis auf das Entstehen der DNA-Liposomen-Komplexe.

Beispiel 2

Herstellung von Liposomen-DNA-Komplexen

18,6 µl (25 µmol) DOPE und 0,0175 g DOTAP (25 µmol) werden zusammen in 1 ml Ethanol gelöst. Die Lösung wird über Nacht in Eksikkator eingetrocknet und die Lipidmischung anschließend in 3 ml PBS (58 mM NaHPO₄, 17 mM NaH₂PO₄, 69 mM NaCl, pH 7,4) unter Lichtausschluss für 3-4 h unter gelegentlichem Mischen rehydratisiert. Die so entstandene Lipiddispersion wird 2 mal für je 5 min im Ultraschallbad beschallt mit einer zwischenzeitlichen 2-stündigen Pause. 50 µl der entstandenen Liposomen-Dispersion werden mit 50 µg Plasmid gelöst in 50 µl HBS (150 mM NaCl, 20 mM Hepes, pH 7,4) gemischt. Der Nachweis der Liposomen erfolgt durch TEM-Aufnahmen der Liposomen-DNA-Komplexe (Figur 1).

Beispiel 3

Herstellung von Liposomen mit kationischen Detergenz und Komplexbildung mit DNA

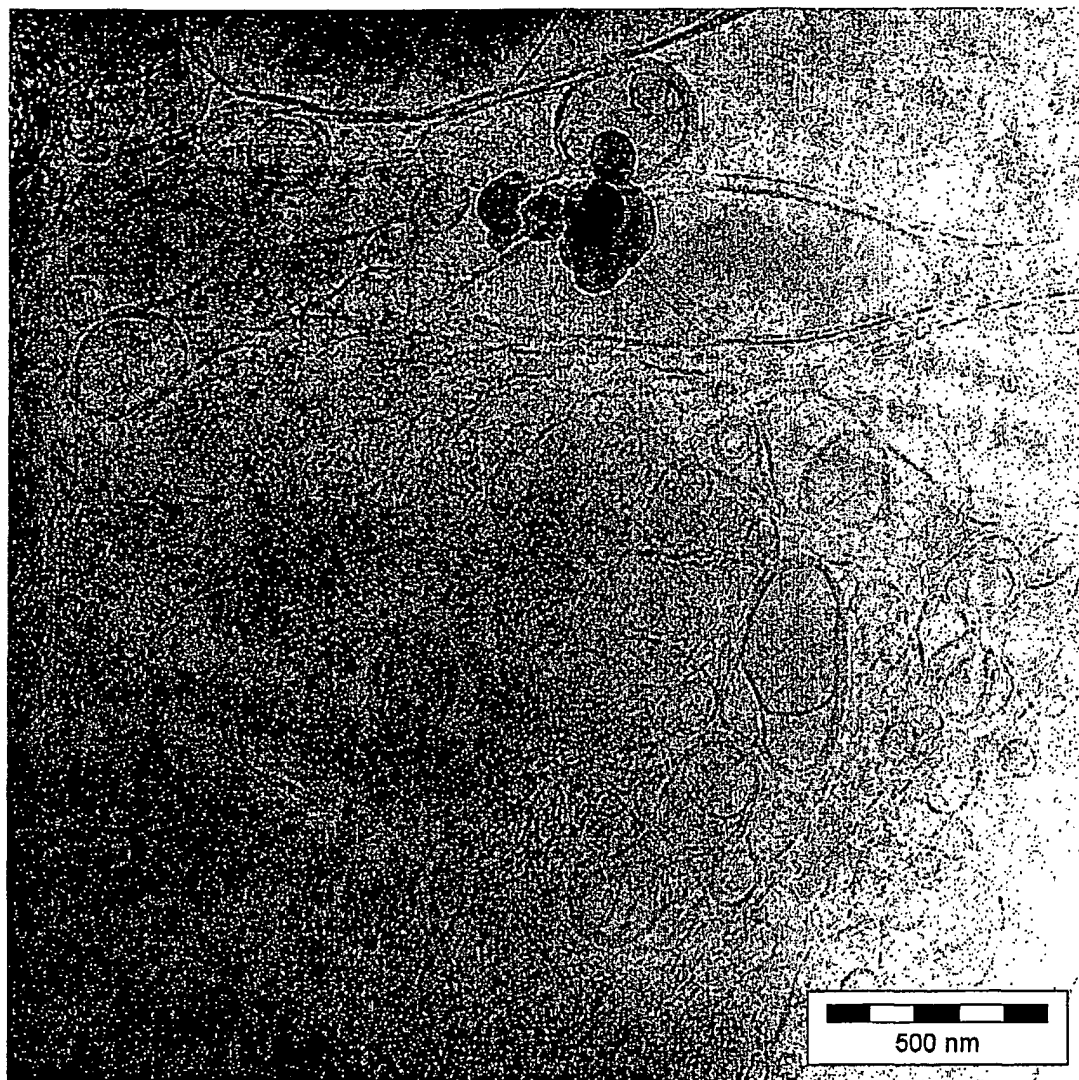
29,8 μl (40 μmol) DOPE und 4 mg CTAC (Cetyltrimethylammoniumchlorid) (10 μmol) werden zusammen in 1 ml Ethanol gelöst. Das Lösungsmittel Ethanol wird im Rotationsverdampfer abgezogen und die Mischung anschließend in 3 ml PBS (58 mM NaHPO_4 , 17 mM NaH_2PO_4 , 69 mM NaCl, pH 7,4) unter Lichtausschluss für 3-4 h unter gelegentlichem Mischen rehydratisiert. Die so entstandene Lipiddispersion wird 2 mal für je 5 min im Ultraschallbad beschallt mit einer zwischenzeitlichen 2-stündigen Pause. 6,7 μl der entstandenen Liposomen-Dispersion werden mit 1,5 ml PBS verdünnt und mit 20 μg Plasmid gelöst in 1,5 ml HBS (150 mM NaCl, 20 mM Hepes, pH 7,4) gemischt.

Verzeichnis der Figuren:

Figur 1: TEM-Aufnahme der Liposomen-DNA-Komplexe aus Beispiel 2 im Cryomode.

Vergrößerung: 10000-fach

Figur 1:



Tabellen:

Tabelle 4:

Nr.	Tag-Sequenz	Jung	Alt	Quotient	Signifikanz	Annotation	Beschreibung
1	CCCCGGCCACC	43,72	0,00	43,72	13,39	Hs.279604	Desmin, muscle intermediate filament protein
2	AAACATTAAAA	20,82	0,96	21,69	5,35	Hs.77443	actin, gamma 2, smooth muscle, enteric
3	GGCTGTACCCA	20,82	0,96	21,69	5,35	Hs.108080	cysteine and glycine-rich protein 1
4	TTGAGGGGGTG	0,00	16,35	16,35	4,85	Hs.76549	reverse tag of AHNAK
5	CCACGGGATTC	14,57	0,00	14,57	4,48	Hs.119571	collagen, type III, alpha 1 (Ehlers-Danlos syndrome type IV)
6	AGCCACCGCAC	12,49	0,96	13,01	3,01	Hs.42612	ESTs
7	TCCTCCCTACT	1,04	12,51	12,03	2,88	Hs.70266	yeast Sec31p homolog
8	TCAAAAGACCT	11,45	0,96	11,93	2,73	Hs.25647	v-fos FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog
9	TTAGTGTCGTA	11,45	0,00	11,45	3,52	Hs.74649	cytochrome c oxidase subunit VIc
10	TTTCTAGTTTG	11,45	0,00	11,45	3,52	Hs.111894	membrane nucleoside transporter
11	GACCAGGCCCT	20,82	1,92	10,84	4,59	Hs.180266	tropomyosin 2 (beta)
12	TTGAGCCAGCC	10,41	0,96	10,84	2,45	Hs.91142	KH-type splicing regulatory protein (FUSE binding protein 2)
13	AGATTCAAACCT	10,41	0,96	10,84	2,45	Hs.14368	SH3 domain binding glutamic acid-rich protein like
14	ACAGGCTACGG	111,39	10,58	10,53	22,24	Hs.75777	transgelin
15	AATTGAAAAGG	10,41	0,00	10,41	3,20	Hs.78344	myosin, heavy polypeptide 11, smooth muscle
16	GTGGCGAATGA	1,04	10,58	10,17	2,38	Hs.69752	desmocollin 1
17	TGGCCCCACCC	1,04	10,58	10,17	2,38	Hs.198281	pyruvate kinase, muscle

Tabelle 3:

Nr.	Tag-Sequenz	Jung	Alt	Quotient	Signifikanz	Annotation	Beschreibung
18	GAGACTCCTGC	0,00	9,62	9,62	2,86	Hs.169902	solute carrier family 2, member 1
19	TAGTCCCAGCT	1,04	9,62	9,25	2,14	Hs.274579	ancient conserved domain protein 1
20	CCCAGAGACCC	17,70	1,92	9,22	3,77	Hs.21223	calponin 1, basic, smooth muscle
21	AGGCTCAGGTC	8,33	0,96	8,68	1,90	Hs.78344	myosin, heavy polypeptide 11, smooth muscle
22	ATTTCTTCAAG	8,33	0,96	8,68	1,90	Hs.31386	ESTs, similar to JE0174 frizzled protein-2 - human
23	TGTGAGCCCCT	8,33	0,96	8,68	1,90	Hs.102948	enigma (LIM domain protein)
24	CTGACTTGTGT	0,00	8,66	8,66	2,58	Hs.77961	major histocompatibility complex, class I, B
25	ACGGAACAATA	8,33	0,00	8,33	2,57	Hs.8272	prostaglandin D2 synthase (21kD, brain)
26	CTGTTTGTTC	8,33	0,00	8,33	2,57	Hs.211582	myosin, light polypeptide kinase
27	TGTGGCGTATA	8,33	0,00	8,33	2,57	Hs.211582	myosin, light polypeptide kinase
28	CTTTTGTGCC	8,33	0,00	8,33	2,57	Hs.182238	GW128 protein
29	ATGGATACGGG	1,04	8,66	8,33	1,89	Hs.250722	Reverse tag of MUG (Myeloid-upregulated protein)
30	TAGGATGGGGG	0,00	7,70	7,70	2,29	Hs.76941	ATPase, Na ⁺ /K ⁺ transporting, beta 3 polypeptide
31	CCCCGCCAAGT	0,00	7,70	7,70	2,29	Hs.169718	calponin 2
32	TGCTGTGCATA	0,00	7,70	7,70	2,29	Hs.147916	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 3
33	CGTGGGACACT	0,00	7,70	7,70	2,29	Hs.110196	NICE-1 protein
34	CCCTCCTGGGG	7,29	0,96	7,59	1,63	Hs.95867	Homo sapiens EST00098 gene, last exon
35	GGGGTAAGAAA	7,29	0,96	7,59	1,63	Hs.80423	prostatic binding protein
36	GACCTATCTCT	7,29	0,96	7,59	1,63	Hs.194431	palladin
37	CAGGAGGAGTT	7,29	0,96	7,59	1,63	Hs.183760	glucose regulated protein, 58kD
38	CTGAGACAAAG	7,29	0,96	7,59	1,63	Hs.101025	basic transcription factor 3
39	CTCCCCTGCCC	1,04	7,70	7,40	1,66	Hs.82422	capping protein (actin filament), gelsolin-like
40	TTCCAAGGCAG	1,04	7,70	7,40	1,66	Hs.317	topoisomerase (DNA) I
41	GTGGCCAGAGG	1,04	7,70	7,40	1,66	Hs.1420	fibroblast growth factor receptor 3
42	GGTTTGGCTTA	7,29	0,00	7,29	2,25	Hs.73818	ubiquinol-cytochrome c reductase hinge

							protein
43	CATCTAAACTG	7,29	0,00	7,29	2,25	Hs.180900	Williams-Beuren syndrome chromosome region 1
44	ACATAGACCGA	7,29	0,00	7,29	2,25	Hs.173594	pigment epithelium-derived factor
45	CCACAGGGGAT	13,53	1,92	7,05	2,71	Hs.119571	collagen, type III, alpha 1

Tabelle 2:

Nr.	Tag-Sequenz	Jung	Alt	Quotient	Signifikanz	Annotation	Beschreibung
46	AGCCTGGACTG	0,00	6,73	6,73	2,01	Hs.90107	cell membrane glycoprotein, 110000M(r) (surface antigen)
47	TCTGTTTATCA	0,00	6,73	6,73	2,01	Hs.180394	signal recognition particle 14kD (Alu RNA-binding protein)
48	GAGCAGCGCCC	0,00	6,73	6,73	2,01	Hs.112408	S100 calcium-binding protein A7 (psoriasin 1)
49	CCGGGGGAGCC	38,52	5,77	6,68	6,72	Hs.172928	collagen, type I, alpha 1
50	TCTGCTTACAG	6,25	0,96	6,51	1,37	Hs.74267	ribosomal protein L15
51	TTGGTGTGCTG	6,25	0,96	6,51	1,37	Hs.240399	EST
52	TTGCCAGCAC	6,25	0,96	6,51	1,37	Hs.23954	cerebral cell adhesion molecule
53	CACCCCTGATG	6,25	0,96	6,51	1,37	Hs.173724	creatine kinase, brain
54	CCCTTGTCGA	6,25	0,96	6,51	1,37	Hs.127824	ESTs, Weakly similar to weak similarity to collagens [C.elegans]
55	AAACAATAAAA	1,04	6,73	6,47	1,42	Hs.229971	EST
56	AAATAAAAGCT	1,04	6,73	6,47	1,42	Hs.155191	villin 2 (ezrin)
57	ACAAAACCCCA	1,04	6,73	6,47	1,42	Hs.140208	ESTs
58	GTACGTATTCT	6,25	0,00	6,25	1,93	Hs.76325	immunoglobulin J polypeptide
59	CCTATAATTCC	6,25	0,00	6,25	1,93	Hs.135491	ESTs
60	TTTCCTCTCAA	5,21	31,75	6,09	5,29	Hs.184510	stratifin
61	CGGCTGGTGAA	0,00	5,77	5,77	1,72	Hs.75748	proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 1
62	TGCAGATGGTT	0,00	5,77	5,77	1,72	Hs.3628	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 4
63	ACAACCTTTAT	0,00	5,77	5,77	1,72	Hs.283213	EST
64	GTGCGTGAGC	0,00	5,77	5,77	1,72	Hs.277477	major histocompatibility complex, class I, C
65	CCACTGTATTC	0,00	5,77	5,77	1,72	Hs.235041	EST
66	AGGGAGGGGCC	0,00	5,77	5,77	1,72	Hs.172153	glutathione peroxidase 3 (plasma)
67	TTGTAAATGCG	0,00	5,77	5,77	1,72	Hs.149436	kinesin family member 5B
68	CTTCTACTAAT	0,00	5,77	5,77	1,72	Hs.109857	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434H0820
69	AGCCTGCAGAA	0,00	5,77	5,77	1,72	Hs.10927	hypothetical protein R33729_1

70	GCAAAACCCTA	0,00	5,77	5,77	1,72	Hs.108740	DKFZP586A0522 protein
71	GCCCAAGGACC	27,07	4,81	5,63	4,49	Hs.195464	filamin A, alpha (actin-binding protein-280)
72	CAAGAGGCAAA	1,04	5,77	5,55	1,20	Hs.5734	KIAA0679 protein
73	TGGGACGTGAG	1,04	5,77	5,55	1,20	Hs.3796	EphB6
74	CCTGTTATCCC	1,04	5,77	5,55	1,20	Hs.228142	EST
75	GGGGGACGGCT	1,04	5,77	5,55	1,20	Hs.21346	hypothetical protein LOC58481
76	CCAGGCACGCT	1,04	5,77	5,55	1,20	Hs.198427	hexokinase 2
77	TTTTTAATGTT	1,04	5,77	5,55	1,20	Hs.181307	H3 histone, family 3A
78	TACAGTATGTT	1,04	5,77	5,55	1,20	Hs.170171	glutamate-ammonia ligase (glutamine synthase)
79	GTATTCCCCTT	1,04	5,77	5,55	1,20	Hs.117176	poly(A)-binding protein, nuclear 1
80	GCCTGGGCTGG	1,04	5,77	5,55	1,20	Hs.112184	DKFZP586J0619 protein
81	GTGGGGGGGAG	1,04	5,77	5,55	1,20	Hs.10700	hypothetical protein
82	TCACCAAAAAA	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.84753	KIAA0246 protein
83	GACTTGATAT	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.81328	NF of kappa light polypep. gene enhancer in B-cells inhibitor, alpha
84	ATCACACAGCT	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.79386	leiomodulin 1 (smooth muscle)
85	CTGCTGAGTGA	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.79259	hypothetical protein
86	GAAACAAGATG	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.78771	phosphoglycerate kinase 1
87	TCTGTAGTCCC	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.7358	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp566D1146
88	AACCCGGGGGG	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.6214	KIAA0731 protein
89	AATAAAGCCTT	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.3314	selenoprotein P, plasma, 1
90	AGCTGGTTTCC	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.286027	etoposide-induced mRNA
91	GTTGTCTTTGG	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.284394	complement component 3
92	GAAGCAATAAA	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.198253	major histocompatibility complex, class II, DQ alpha 1
93	GTGATGGTGTA	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.197345	thyroid autoantigen 70kD (Ku antigen)
94	CTATTGCACTC	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.160483	erythrocyte membrane protein band 7.2 (stomatin)
95	TTACTAAATGG	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.155560	calnexin
96	TATTTACCGT	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.138860	Rho GTPase activating protein 1
97	CAGGATCCAGA	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.119222	suppression of tumorigenicity 13 (Hsp70-interacting

							protein)
98	GCAGTCGCTTG	5,21	0,96	5,43	1,12	Hs.100002	HSPC162 protein
99	GTTCCACAGAA	10,41	1,92	5,42	1,95	Hs.179573	collagen, type I, alpha 2
100	ATGTCTTTTCT	15,62	2,89	5,40	2,74	Hs.1516	insulin-like growth factor-binding pro- tein 4
101	CCAGGGCAACA	6,25	32,71	5,23	5,01	Hs.120980	ORF-less transcript in MEN1 region, long 19 kB version
102	TCCCTGTACAT	5,21	0,00	5,21	1,61	Hs.89563	nuclear cap binding protein subunit 1, 80kD
103	TTATGGATCTC	5,21	0,00	5,21	1,61	Hs.5662	G protein, beta polypeptide 2-like 1
104	GACCCTAGCTC	5,21	0,00	5,21	1,61	Hs.30570	polyglutamine bind- ing protein 1
105	TACCCCATAAA	5,21	0,00	5,21	1,61	Hs.281083	ESTs
106	CTTAAAAA	5,21	0,00	5,21	1,61	Hs.176626	hypothetical protein EDAG-1

Tabelle 1:

Nr.	Tag-Sequenz	Jung	Alt	Quotient	Signifikanz	Annotation	Beschreibung
107	TTCTTGAACAA	9,37	1,92	4,88	1,71	Hs.76228	amplified in osteosarcoma
108	TCGGAGCTGTT	9,37	1,92	4,88	1,71	Hs.4055	chromosome 21 open reading frame 50
109	TTTGGTTTTCC	97,86	20,20	4,84	13,20	Hs.179573	collagen, type I, alpha 2
110	TGTTGCTCCCA	0,00	4,81	4,81	1,44	Hs.82210	zinc finger protein 220
111	GGTTATTTAGT	0,00	4,81	4,81	1,44	Hs.8110	adducin 3 (gamma)
112	GAGGTCCCTGG	0,00	4,81	4,81	1,44	Hs.74077	proteasome subunit, alpha type, 6
113	CAGCAGCAAAA	0,00	4,81	4,81	1,44	Hs.285090	ESTs
114	TTTCTTCCCTT	0,00	4,81	4,81	1,44	Hs.283009	tuftelin 1
115	AGTCTGCTGGG	0,00	4,81	4,81	1,44	Hs.259508	ESTs
116	GTGGCGGGCAT	0,00	4,81	4,81	1,44	Hs.230564	EST
117	TGTGCGGCTTC	0,00	4,81	4,81	1,44	Hs.162196	hypothetical protein FLJ20321
118	GAAGAGGACAA	0,00	4,81	4,81	1,44	Hs.120451	ESTs
119	GATCCCAACTG	0,00	4,81	4,81	1,44	Hs.118786	metallothionein 2A
120	ATGCTAAAAAA	0,00	4,81	4,81	1,44	Hs.116455	EST
121	TGATAATTCAA	0,00	4,81	4,81	1,44	Hs.100688	H. sapiens cDNA FLJ11279 fis, clone PLACE1009444
122	GATAGCACAGT	22,90	4,81	4,76	3,54	Hs.103391	Human IGFBP5 mRNA
123	TGAAATAAAAAG	2,08	9,62	4,63	1,68	Hs.48516	ESTs
124	CCACTGCGCTC	2,08	9,62	4,63	1,68	Hs.260287	ESTs
125	TCCTTGCTTCT	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.94491	hypothetical protein FLJ20297
126	CCCTCAATCCC	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.83077	interleukin 18 (interferon-gamma-inducing factor)
127	TCCATCAAGAA	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.79387	proteasome 26S subunit, ATPase, 5
128	GAAATGAGCAG	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.77293	KIAA0127 gene product
129	AAGAAGACTTC	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.7719	GABA(A) receptor-associated protein
130	TGCAATATGCC	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.750	fibrillin 1 (Marfan syndrome)
131	GTGGCGGGAGC	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.68257	general TF IIF, polypeptide 1 (74kD subunit)
132	TGTTCATCATC	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.65450	reticulon 4
133	CTGGATGGGCA	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.44017	SIR2-like
134	GGGAAACCCCG	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.254283	EST
135	TAAGTAGCAAA	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.239625	integral membrane protein 2B
136	CCTGTGGTCTC	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.236504	EST

137	CGGGCACCTTC	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.198249	gap junction protein, beta 5 (connexin 31.1)
138	TTCAGTGCCTG	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.180933	CpG binding protein
139	ACAAACTTAGG	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.177656	calmodulin 1 (phosphorylase kinase, delta)
140	GATTTGTGTTT	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.173125	peptidylprolyl isomerase F (cyclophilin F)
141	TTGAATTCCCC	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.171921	semaphorin 3C
142	TAGTTGAAGTC	1,04	4,81	4,63	0,98	Hs.131255	ubiquinol-cytochrome c reductase binding protein
143	TTTGCACCTTT	17,70	3,85	4,60	2,79	Hs.75511	connective tissue growth factor
144	CCTGTAATCCA	8,33	1,92	4,34	1,48	Hs.253369	EST
145	TTAAATAGCAC	8,33	1,92	4,34	1,48	Hs.172928	collagen, type I, alpha 1
146	AAGATCAAGAT	8,33	1,92	4,34	1,48	Hs.1288	actin, alpha 1, skeletal muscle
147	ACCTTGTGCCC	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.878	sorbitol dehydrogenase
148	GCTCCGAGCGT	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.80617	ribosomal protein S16
149	CCTTTGTAAGT	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.78465	v-jun avian sarcoma virus 17 oncogene homolog
150	TTCAGTCCGA	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.78089	ATPase, vacuolar, 14 kD
151	TTCTGTGAATC	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.77870	ESTs
152	TTGCCGGTTAA	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.75925	proteasome inhibitor subunit 1 (PI31)
153	TGCATCTGGTG	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.75410	heat shock 70kD protein 5 (GRP78, BiP)
154	TTTACAAAGAG	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.75360	carboxypeptidase E
155	CAGACTTTTGG	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.63348	DKFZP586M121 protein
156	CTGTCCTTGTG	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.6101	Human DNA sequence from clone 511E16
157	TCCGTGTATAA	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.3321	EST
158	ACCCTGCCAAA	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.284546	EST
159	CTCCCCCAAGC	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.283305	immunoglobulin heavy constant alpha 1
160	CTTGCAGTCCT	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.27018	Ris
161	AACAGGGGCCA	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.262958	EST
162	CCTGGCCAGAA	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.261734	EST
163	AGGGAAAAAAA	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.215595	G protein, beta polypeptide 1
164	AAGAAAGGAGT	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.202097	procollagen C-endopeptidase enhancer
165	CCCGACGTGCC	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.198269	NADH dehydrogenase 1 alpha sub-

							complex, 3
166	AAGGGAGGGTC	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.182248	sequestosome 1
167	CCCCAGGAGAA	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.169902	solute carrier family 2, member 1
168	CTGGGCGTGTC	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.161554	hypothetical protein FLJ20159
169	TACTTGGGAGG	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.154103	LIM protein (similar to PKC-binding enigma)
170	AAAGAAAGTGG	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.151513	beta-1,2-N-acetylglucosaminyl-transferase
171	TATCTGTCTAC	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.145279	SET translocation (myeloid leukemia-associated)
172	GAATCACTGCC	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.14454	chromosome 2 open reading frame 1
173	ATTAACAAAGC	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.113368	neuroendocrine secretory protein 55
174	TTCTGCTCTTG	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.110802	von Willebrand factor
175	GACATAAATCC	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.109281	Nef-associated factor 1
176	ACGGTGATGTC	4,16	0,96	4,33	0,88	Hs.10453	ESTs
177	GATCAGGCCAG	24,99	5,77	4,33	3,59	Hs.119571	collagen, type III, alpha 1
178	CTTTATTCCAG	41,64	9,62	4,33	5,59	Hs.172928	collagen, type I, alpha 1
179	GTGTTAACCAG	12,49	2,89	4,32	2,03	Hs.74267	ribosomal protein L15
180	CCATTGTACTC	12,49	2,89	4,32	2,03	Hs.108740	DKFZP586A0522 protein
181	GGAAATGTCAA	3,12	13,47	4,32	2,12	Hs.111301	matrix metalloproteinase 2
182	ACCAAAAACCA	100,98	24,05	4,20	12,20	Hs.172928	collagen, type I, alpha 1
183	AGAAAGATGTC	2,08	8,66	4,16	1,47	Hs.78225	annexin A1
184	GAAGATGTGGG	2,08	8,66	4,16	1,47	Hs.250911	Homo sapiens clone 23967 unknown mRNA
185	TCACCTTAGGT	2,08	8,66	4,16	1,47	Hs.239625	integral membrane protein 2B
186	TGGTTGGTGGT	2,08	8,66	4,16	1,47	Hs.12701	plasmolipin
187	TGCACACACAC	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.99816	beta-catenin-interacting protein ICAT
188	TTAAAGATTTA	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.77899	tropomyosin 1 (alpha)
189	GTGCTATTCTG	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.77873	mRNA full length insert cDNA (EUROIMAGE 2176457)
190	TTTTCAAGAAG	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.75447	ralA binding protein 1
191	TACATTGCTTT	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.75104	RNA-binding protein S1, serine-rich domain
192	AGGCTGGATGC	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.5898	KIAA0668 protein
193	TGTCCACACAT	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.5897	Homo sapiens mRNA; cDNA

							DKFZp586P1622
194	TGATCTGCCTG	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.5723	EST
195	ATAGGTCAGAA	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.29665	KIAA0911 protein
196	GGTGAAACCCC	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.284878	EST
197	TCCATCTGTTG	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.252189	syndecan 4 (amphiglycan, ryudocan)
198	ACTGGGCAGTG	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.241257	latent transforming growth factor beta binding protein 1
199	TAAAAACTTTC	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.204096	lipophilin B (uteroglobin family member), prostatein-like
200	TCCGGCCGCGA	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.171774	hypothetical protein
201	CATCTGTAATC	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.153290	EST
202	AGGTCAAAAAA	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.149570	actin related protein 2/3 complex, subunit 4 (20 kD)
203	CTCCCTGAACG	4,16	0,00	4,16	1,29	Hs.11006	ESTs
204	TGGAAATGACC	87,45	21,17	4,13	10,54	Hs.172928	collagen, type I, alpha 1
205	GCCCCCAATAA	54,13	13,47	4,02	6,67	Hs.227751	lectin, galactoside-binding, soluble, 1 (galectin 1)
206	AGAACCTTAAA	11,45	2,89	3,96	1,81	Hs.181244	major histocompatibility complex, class I, A
207	ATGTGAAGAGT	48,93	12,51	3,91	5,97	Hs.111779	secreted protein, acidic, cysteine-rich (osteonectin)
208	GATGAGGAGAC	37,48	9,62	3,90	4,72	Hs.179573	collagen, type I, alpha 2
209	ATAGCCAGGGA	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.95582	SRY (sex determining region Y)-box 20
210	AAAAGCAGAAA	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.84728	Kruppel-like factor 5 (intestinal)
211	TAATTTGCGTT	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.79368	epithelial membrane protein 1
212	TGAGGCCAGGC	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.79162	structure specific recognition protein 1
213	GTTTTTGCTTC	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.79110	nucleolin
214	TAGGCCCAAGT	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.78880	ilvB (bacterial acetolactate synthase)-like
215	CAGTTACAAAG	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.77508	glutamate dehydrogenase 1
216	GACCACGAATA	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.76476	cathepsin H
217	CTGGGCCAGCC	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.74669	vesicle-associated membrane protein 5 (myobrevin)
218	AATTACAGCCA	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.74471	gap junction protein, alpha 1, 43kD (connexin 43)
219	AGGATGACCAG	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.69554	hypothetical protein FLJ20552
220	GAAACCGAGGG	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.279813	hypothetical protein
221	AGCCGAGATCG	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.278053	EST

222	CCGGCCCTACC	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.271473	epithelial protein up-regulated in carcinoma
223	CTGTCTGTGGC	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.260150	hypothetical protein FLJ10209
224	AACGCTGCGAA	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.24174	KIAA0876 protein
225	CAAGCGCTCTA	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.23598	CREB binding protein (Rubinstein-Taybi syndrome)
226	CCTGTAGTTCT	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.231918	EST
227	GCAAAACACTG	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.198552	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp566B193
228	CCTGCTCCCTG	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.184601	solute carrier family 7 member 5
229	GAAGCTTTGCA	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.180532	heat shock 90kD protein 1, alpha
230	CCACTAATGGA	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.180139	SMT3 (suppressor of mif two 3, yeast) homolog 2
231	GGCCCCATTGC	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.173421	clone CE29 8.1 (CAC) _n /(GTG) _n repeat-containing
232	GGATGCGCAGG	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.168541	H. sapiens mRNA full length (EUROIMAGE 50374)
233	GCCGACGCCAG	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.165565	ESTs
234	CCTTGAGTACA	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.155247	aldolase C, fructose-bisphosphate
235	TGGAATTCCT	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.154846	phosphatidylinositol 4-kinase, catalytic, beta
236	AAGCGGGACCT	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.153436	N-acetyltransferase, homolog of S. cerevisiae ARD1
237	CCAGGCTGCGT	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.149846	integrin, beta 5
238	CCTCTAGTCCC	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.145501	ESTs
239	ACGGAAGTTTT	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.144974	ESTs
240	ATGGCACATTC	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.14328	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp762O124
241	GAGCAAACGGA	0,00	3,85	3,85	1,15	Hs.108847	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R26445
242	CAGCTGGCCAT	7,29	1,92	3,80	1,26	Hs.79732	fibulin 1
243	ATCAAATGCAA	7,29	1,92	3,80	1,26	Hs.79070	v-myc avian myelocytomatosis viral oncogene homolog
244	CACCAGCATTG	7,29	1,92	3,80	1,26	Hs.75847	chromosome 15 open reading frame 3
245	CAGTTACTTAG	7,29	1,92	3,80	1,26	Hs.279920	tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein, beta polypeptide

246	ATGGCGGGTGC	7,29	1,92	3,80	1,26	Hs.172382	hypothetical protein FLJ20001
247	TTGCATATCAG	2,08	7,70	3,70	1,28	Hs.82237	ataxia-telangiectasia group D-associated protein
248	TCTGCTAAAGA	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.95958	solute carrier family 2, member 4
249	TTGGACCTGGG	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.89761	ATP synthase, H ⁺ transporting, delta subunit
250	GCTTCCTCCTC	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.85289	CD34 antigen
251	TGTTTGTGTGT	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.85015	ESTs
252	CATTATAACTT	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.84359	hypothetical protein
253	AGATACATAGC	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.84045	Homo sapiens cDNA FLJ20288 fis, clone HEP04414
254	TGTGGTGGTGT	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.83422	MLN51 protein
255	GGAGATGAGGA	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.83419	KIAA0252 protein
256	GGCTGAGCTCA	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.83004	interleukin 14
257	GCCCGCCTTGT	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.80475	polymerase (RNA) II polypeptide J (13.3kD)
258	GGGTTTGTTC	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.75969	proline-rich protein with nuclear targeting signal
259	CTATGGCTTCA	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.75618	RAB11A, member RAS oncogene family
260	CTGGCCGCAAG	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.74649	cytochrome c oxidase subunit VIc
261	GTGTATCTTTT	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.73965	splicing factor, argin- ine/serine-rich 2
262	CTCCATCGGCT	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.65238	95 kDa RB protein binding protein; (KIAA0661)
263	CACCACCACGC	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.5862	hypothetical protein
264	GCGACCAACAT	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.4055	chromosome 21 open reading frame 50
265	GCTAAGGAGAT	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.286250	ras-related C3 BTx substrate 1 (G- Protein Rac1)
266	AGGCCTCGGCA	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.286202	H. sapiens cDNA FLJ11346 fis, clone PLACE1010900
267	TGCTGCTGCTT	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.283685	hypothetical protein FLJ20396
268	GCCCCGCCCTC	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.280666	Homo sapiens chro- mosome 19, cosmid R32184
269	AGCCGAGATCA	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.277663	EST
270	GTGGTATGTGC	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.277102	EST
271	CCCTGGCAATG	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.273369	hematopoietic stem/progenitor cells protein MDS027
272	GTGAAGCCTCA	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.271823	ESTs
273	CGAGGGCACTC	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.26915	spectrin, beta, non-

							erythrocytic 2
274	CTGAAATCTAT	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.253467	ESTs
275	CCTGTGATCCT	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.240395	potassium channel, subfamily K, member 6 (TWIK-2)
276	TCACTGCATTC	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.235587	EST
277	ACAACACCCCA	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.21453	mRNA for inositol 1,4,5-trisphosphate 3-kinase
278	ATTGCATCACT	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.209111	EST
279	TAGCTCCCTTG	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.199160	myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax (Drosophila) homolog)
280	AAGCTCTGTGT	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.19813	ESTs
281	GTGATGGATGG	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.181046	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586O1919 (from clone DKFZp586O1919)
282	GACCAGAAAAA	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.180714	cytochrome c oxidase subunit VIa polypeptide 1
283	GCCTGGTGACC	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.180224	death-associated protein 6
284	GTGCTCTGTAC	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.177556	melanoma antigen, family D, 1
285	CAGGAGGAAAG	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.177425	KIAA0964 protein
286	GACAATGCCAG	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.155433	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F1 complex, gamma polypeptide 1
287	AGCTTCCAGCC	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.144974	ESTs, Highly similar to unnamed protein product [H.sapiens]
288	TGGGCCCGTGT	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.11607	ESTs
289	GATCTCTTGGG	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.115947	keratin 16 (focal non-epidermolytic palmoplantar keratoderma)
290	TGTGACCTCTC	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.108973	dolichyl-phosphate mannosyltransferase polypeptide 2, regulatory subunit
291	TGCTTCATCTG	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.10842	RAN, member RAS oncogene family
292	GTGCTCAAACC	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.103915	KIAA0346 protein
293	AGCAGGGCTCC	1,04	3,85	3,70	0,77	Hs.100623	phospholipase C, beta 3, neighbor pseudogene
294	TGCACTTCAAG	10,41	2,89	3,60	1,60	Hs.75445	SPARC-like 1 (mast9, hevin)
295	ACGCAGGGAGA	11,45	40,41	3,53	4,58	Hs.180532	heat shock 90kD protein 1, alpha
296	CAAGACGGGGG	4,16	14,43	3,47	1,97	Hs.106185	ral guanine nucleotide dissociation

							stimulator
297	TACTCTTGGCA	3,12	10,58	3,39	1,54	Hs.2730	heterogeneous nuclear ribonucleo-protein L
298	CTCTAAGAAGC	6,25	1,92	3,26	1,05	Hs.9641	complement component 1, q subcomponent, alpha polypeptide
299	GTGCGCTAGGG	6,25	1,92	3,26	1,05	Hs.9408	IKK-related kinase epsilon; inducible IkappaB kinase
300	TGATCTCCAAA	6,25	1,92	3,26	1,05	Hs.83190	fatty acid synthase
301	AGCACATTTGA	6,25	1,92	3,26	1,05	Hs.80562	gelsolin (amyloidosis, Finnish type)
302	TCTTGTGCATA	6,25	1,92	3,26	1,05	Hs.2795	lactate dehydrogenase A
303	GCCTATGGTCC	6,25	1,92	3,26	1,05	Hs.16561	HSPC141 protein
304	CCTGTAATCTT	6,25	1,92	3,26	1,05	Hs.120882	ESTs
305	ATCTCGAAAGG	6,25	1,92	3,26	1,05	Hs.10784	hypothetical protein FLJ20037
306	TGTCTTTGCTC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.9589	ubiquilin 1
307	TTTTATTTCCA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.93780	ESTs
308	CAGTACTGTAT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.9295	elastin (supravalvular aortic stenosis, Williams-Beuren syndrome)
309	GCCAAGATGCC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.83135	p53-responsive gene 6
310	CCAACAAGAAT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.82749	transmembrane 4 superfamily member 2
311	TCCACGCACCA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.82023	hypothetical protein similar to mouse Fbw5
312	GGGGGTCACCG	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.80986	ATP synthase, H ⁺ -transporting, mitochondrial F0 complex, subunit c (subunit 9), isoform 1
313	TAATAAAGAAT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.80342	keratin 15
314	GCTTTTCAGAC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.78781	vascular endothelial growth factor B
315	TTGTTATTGCC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.78637	annexin A7
316	TAATCCTCAAG	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.78409	collagen, type XVIII, alpha 1
317	GAGCGGCCTCT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.77868	ORF
318	AAACCAAAAAA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.76753	endoglin (Osler-Rendu-Weber syndrome 1)
319	TTTCAGAGAGA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.75975	signal recognition particle 9kD
320	TAGCCGCTGAG	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.75932	N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein, alpha

321	ATCACTAAAGA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.75888	phosphogluconate dehydrogenase
322	ATATGTATATT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.75839	zinc finger protein 6 (CMPX1)
323	TTTTCTCTGAA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.75516	tyrosine kinase 2
324	TGGCCTCTCTG	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.75437	peroxisomal long-chain acyl-coA thioesterase ; putative protein
325	CTGTTAGTGTG	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.75375	malate dehydrogenase 1, NAD (soluble)
326	GAGGAGGGTGA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.75318	tubulin, alpha 1 (testis specific)
327	TCTACTTTTGT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.74598	polymerase (DNA directed), delta 2, regulatory subunit (50kD)
328	CTGGGCCTGGC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.74573	similar to vaccinia virus HindIII K4L ORF
329	AAAATAAACCT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.74304	periplakin
330	GATTTCGTTTT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.738	early growth response 1
331	GCCACTACCCC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.71475	hypothetical protein
332	ACCGCCGTGGT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.68877	cytochrome b-245, alpha polypeptide
333	AGCTACCGGGC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.6059	EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 2
334	TGGGACTCCAG	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.59384	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586E2023 (from clone DKFZp586E2023)
335	CTGTTCTCTTG	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.46824	ESTs
336	TGGAGAGCAAC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.4113	S-adenosylhomocysteine hydrolase-like 1
337	GCAAAGAAAAA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.3844	LIM domain only 4
338	TGAGTGGACAG	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.3743	ESTs, Weakly similar to A28996 proline-rich protein M14 precursor - mouse_ [M.musculus]
339	TGGATCAACCA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.286030	caveolin 1 caveolae protein, 22kD
340	AGCCGGATGCT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.284232	KIAA0720 protein
341	GTGAAACCACA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.283788	hypothetical protein DKFZp547A023
342	GTCCCTGCCTT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.279837	glutathione S-transferase M2 (muscle)
343	CTCCACAAATT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.278426	PDGF associated protein
344	TGGCCCCAGGT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.268571	apolipoprotein C-I
345	ATGGTGGGCGC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.266417	EST

346	GGGAAGTCACC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.264428	tissue specific trans-plantation antigen P35B
347	GTGGCGCGCAC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.261403	ESTs
348	GTGGTAGGTGC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.254237	EST
349	TGCCATCTGTA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.23960	cyclin B1
350	GTGAAATTCCA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.228168	ESTs
351	CCTGTGATTCC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.227961	EST
352	GCGGGGTACCC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.227823	pM5 protein
353	GGGATTAAAGC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.211579	melanoma adhesion molecule
354	AATTCAATTAA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.211568	eukaryotic translation initiation factor 4 gamma, 1
355	AGGAACACAAA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.211539	eukaryotic translation initiation factor 2, subunit 3 (gamma, 52kD)
356	TTGGCCAGGGT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.209396	ESTs, Weakly similar to plakophilin 2b [H.sapiens]
357	TTGCTGGAGAA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.197114	RNA binding protein; AT-rich element binding factor
358	AGCAAACCTGAA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.182579	leucine aminopeptidase
359	GTGGCGGACGC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.182577	inositol polyphosphate-5-phosphatase, 75kD
360	TTTTTGATAAA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.181165	eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1
361	TAATGGTAACT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.181028	cytochrome c oxidase subunit Va
362	TTTTTGATTA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.179526	upregulated by 1,25-dihydroxyvitamin D-3
363	GGATACAACCT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.173993	RNA binding motif protein 6
364	CAAGGGTGACA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.170222	solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), isoform 1 (antiporter, Na ⁺ /H ⁺ , amiloride sensitive)
365	CGGAGTCCATT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.155595	neural precursor cell expressed, developmentally down-regulated 5
366	TGCGCGCCCTG	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.15093	hypothetical protein
367	GGAAGCACGGA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.148495	proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 4
368	GAGCCCCCGTG	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.12908	CDC42-binding protein kinase beta (DMPK-like)
369	CAGATGGAGGC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.127273	hypothetical protein

							FLJ10044
370	GCTGGTGCCTG	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.125359	Thy-1 cell surface antigen
371	GCCTTTCCCTC	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.12064	ubiquitin specific protease 22
372	ACGAAACCCCA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.117582	CGI-43 protein
373	ATTTAAAAAAA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.1139	cold shock domain protein A
374	CATTTGGGAAG	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.111334	ferritin, light polypeptide
375	CCTTCCAAATT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.111076	malate dehydrogenase 2, NAD (mitochondrial)
376	TTTCTGCTCCT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.108124	ribosomal protein L41
377	AATATTGAGAA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.106673	eukaryotic translation initiation factor 3, subunit 6 (48kD)
378	CTGAAACAGCT	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.106469	suppressor of var1 (S.cerevisiae) 3-like 1
379	CACTGCCTTTG	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.106019	protein phosphatase 1, regulatory subunit 10
380	TTGCAACCAAA	3,12	0,96	3,25	0,66	Hs.10101	ESTs, Weakly similar to coded for by C. elegans cDNA yk27g3.5 [C.elegans]
381	ATCTCAGCTCA	9,37	2,89	3,24	1,39	Hs.246192	ESTs, Weakly similar to RMS1_HUMAN REGULATOR OF MITOTIC SPINDLE ASSEMBLY 1 [H.sapiens]
382	GCTTTGATGAT	2,08	6,73	3,24	1,09	Hs.89649	epoxide hydrolase 1, microsomal (xenobiotic)
383	AAGCTAATAAA	2,08	6,73	3,24	1,09	Hs.88474	prostaglandin-endoperoxide synthase 1 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxygenase)
384	ATGATGATGAT	2,08	6,73	3,24	1,09	Hs.79172	solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), member 5
385	TAGAAAGGCAG	2,08	6,73	3,24	1,09	Hs.78909	butyrate response factor 2 (EGF-response factor 2)
386	TACCCACCCCT	2,08	6,73	3,24	1,09	Hs.7647	MYC-associated zinc finger protein (purine-binding transcription factor)
387	GGAATGTACGT	2,08	6,73	3,24	1,09	Hs.429	ATP synthase, H ⁺ -transporting, mitochondrial F0 complex, subunit c (subunit 9) isoform 3

388	GTGAAAACCTG	2,08	6,73	3,24	1,09	Hs.283606	ESTs
389	TGCCACCACAC	2,08	6,73	3,24	1,09	Hs.239993	ESTs
390	ATGTAGGTGCC	2,08	6,73	3,24	1,09	Hs.173717	phosphatidic acid phosphatase type 2B
391	AATCTAGTTCT	5,21	16,35	3,14	2,02	Hs.251440	Human profilaggrin gene exons 1-3, 5' end
392	TTGATTGAGTG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.9879	ESTs
393	AAGCTGCTGGA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.9822	HCNP protein
394	AGTGTCTGTGA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.8867	cysteine-rich, angio- genic inducer, 61
395	ATTTTGTGCAA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.8750	uncharacterized bone marrow protein BM045
396	CCTGCCCCCCT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.861	mitogen-activated protein kinase 3
397	AAAAATAAAGC	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.85100	WD repeat domain 1
398	TGCTGGTGTGG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.84883	KIAA0864 protein
399	TGAAGAGAATT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.82306	destrin (actin depo- lymerizing factor)
400	ATGGCTAAGCT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.82280	regulator of G-protein signalling 10
401	CATCACGGATC	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.82112	interleukin 1 receptor, type I
402	ACAAGAATTGT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.80919	synaptophysin-like protein
403	TGTGAACACAT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.80645	interferon regulatory factor 1
404	GGACCTTGAG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.78877	inositol 1,4,5- trisphosphate 3- kinase B
405	CTTCTATGTAG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.77225	ADP- ribosyltransferase (NAD ⁺ ; poly (ADP- ribose) polymerase)- like 1
406	TTCTTATTTTA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.75916	splicing factor 3b, subunit 2, 145kD
407	TTCTCCCAAAT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.75617	collagen, type IV, alpha 2
408	TATTGACAACA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.75608	tight junction protein 2 (zona occludens 2)
409	AAAAAGCAGAT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.75428	superoxide dismutase 1, soluble (amyo- trophic lateral sclero- sis 1 (adult))
410	AGCTATTCCTC	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.75334	exostoses (multiple) 2
411	GTTCAAAGACT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.75260	mitogen inducible 2
412	AGTTGTCACTT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.74649	cytochrome c oxidase subunit VIc
413	TGGTAGTTACC	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.66881	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434A1518 (from clone DKFZp434A1518); partial cds

414	TGTAACGTGGG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.66762	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564A026 (from clone DKFZp564A026)
415	CCCTTCTGCCA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.6214	KIAA0731 protein
416	GACAGTCACTC	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.6066	Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 4
417	CAGCTCAGCTG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.58414	filamin C, gamma (actin-binding protein-280)
418	GCGAAACCCCT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.46468	chemokine (C-C motif) receptor 6
419	CCATAATGTTG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.39957	pleckstrin 2 (mouse) homolog
420	AAAGCATTTCT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.36688	ESTs, Moderately similar to WAP four-disulfide core domain protein [R.norvegicus]
421	ATGACCCGCAG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.286254	ESTs, Weakly similar to AF170723_1 protein kinase STK10 [H.sapiens]
422	GAGCTTACATT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.285706	ESTs
423	TTGGTTTGCTG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.284326	Human clone 23960 mRNA sequence
424	GTTACCAGTTT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.28264	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564L0822 (from clone DKFZp564L0822)
425	TGGAAGTGTGA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.279751	sialic acid binding Ig-like lectin 8
426	AAACCCCGTCT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.273464	ESTs
427	GAGGGTCTTGT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.256310	SH3 domain-containing protein 6511
428	GTGGTGCGCGC	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.252075	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434D179 (from clone DKFZp434D179)
429	ATCCACCCGCC	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.251337	ESTs
430	TGGAGGCCAGG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.250581	SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily d, member 2
431	GGGTGCAAAAA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.249495	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1
432	TACTGCAAAAA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.24557	DKFZP434H018 protein
433	TTATTTATGAA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.245188	tissue inhibitor of metalloproteinase 3

							(Sorsby fundus dystrophy, pseudoinflammatory)
434	GTATAACGTC	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.237356	stromal cell-derived factor 1
435	CGTGTTAATGG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.2110	zinc finger protein 9 (a cellular retroviral nucleic acid binding protein)
436	CCTGTAGGCC	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.207938	EST
437	AACTGTCCTTC	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.194673	phosphoprotein enriched in astrocytes 15
438	CCATTGCATTC	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.185156	ESTs
439	TTACTTCCCCA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.184641	delta-6 fatty acid desaturase
440	TCTGGCCCAGC	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.183	Duffy blood group
441	CCTCTCCCAT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.177533	Homo sapiens mRNA, chromosome 1 specific transcript KIAA0503
442	TTGTGAGAATA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.177425	KIAA0964 protein
443	AGCTAGGGAAG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.172180	KIAA0440 protein
444	GGGAGGTAGCA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.171825	basic helix-loop-helix domain containing, class B, 2
445	GAATGAGGACA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.167791	reticulocalbin 1, EF-hand calcium binding domain
446	CAACTTAAGTG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.16492	DKFZP564G2022 protein
447	CCTAAACTCAA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.16187	uncharacterized hematopoietic stem/progenitor cells protein MDS032
448	ATCGCACTACT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.161721	ESTs
449	CCTGTAATCTG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.159975	ESTs
450	CTTGTAAGTCC	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.155983	KIAA0677 gene product
451	ATACAATAAAA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.151734	nuclear transport factor 2 (placental protein 15)
452	TGATTCTGTTT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.146428	collagen, type V, alpha 1
453	ATTTGTCCCAG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.139800	high-mobility group (nonhistone chromosomal) protein isoforms I and Y
454	AGCTGGGTTGG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.131731	hypothetical protein FLJ11099
455	GGGCTACGTCC	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.123107	kallikrein 1, renal/pancreas/salivary
456	TGCTGCCTGTT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.118110	bone marrow stromal cell antigen 2
457	CCCCCAATGCT	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.115232	splicing factor 3a, subunit 2, 66kD

458	AAAGCAGCACA	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.108802	N-ethylmaleimide-sensitive factor
459	TGGTAACTGGC	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.108741	ESTs
460	GCGAGTCTCCG	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.10632	hypothetical protein DKFZp762M136
461	TGCCCCCTTGCC	3,12	0,00	3,12	0,97	Hs.105700	secreted frizzled-related protein 4
462	GCAGGGCCTCA	3,12	9,62	3,08	1,36	Hs.92323	FXYD domain-containing ion transport regulator 3
463	GCGAAACCCAG	3,12	9,62	3,08	1,36	Hs.142442	HP1-BP74
464	ACAGCGGCAAT	16,66	50,99	3,06	4,90	Hs.74316	desmoplakin (DPI, DPII)
465	CCCTACCCTGT	22,90	7,70	2,97	2,53	Hs.75736	apolipoprotein D
466	CACACGGGCGA	19,78	6,73	2,94	2,24	Hs.194679	WNT1 inducible signaling pathway protein 2
467	CCCCAGGCTGC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.9645	ESTs
468	ACAAACTGTGG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.90370	actin related protein 2/3 complex, subunit 1A (41 kD)
469	GACCACCTTTA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.83551	microfibrillar-associated protein 2
470	GCAGCTAATTT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.8207	GK001 protein
471	GAATCGGTTAT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.80595	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 5 (15kD) (NADH-coenzyme Q reductase)
472	GCAGCTCAGGC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.79572	cathepsin D (lysosomal aspartyl protease)
473	GCAGGTCAGCC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.78950	branched chain keto acid dehydrogenase E1, alpha polypeptide (maple syrup urine disease)
474	TAAACTATTGG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.78851	KIAA0217 protein
475	AGAGCAAGTAC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.78050	small acidic protein
476	GTGAGCAAGAC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.78040	KDEL (Lys-Asp-Glu-Leu) endoplasmic reticulum protein retention receptor 1
477	CGGCTGAATTC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.75888	phosphogluconate dehydrogenase
478	GCTCCACTGGA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.75709	mannose-6-phosphate receptor (cation dependent)
479	CAAATCTTGA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.75431	fibrinogen, gamma polypeptide
480	GGACAGATGTA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.75356	transcription factor 4
481	GGGGGTGGATG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.75087	Fas-activated serine/threonine kinase
482	AGTATGACCTA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.74649	cytochrome c oxidase subunit VIc

483	ACAAAGGGCCC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.7416	KIAA0397 gene product
484	GGCCAGTAACA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.69559	KIAA1096 protein
485	TACATCAGTAA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.65029	growth arrest-specific 1
486	CGGCTGCCCAC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.63236	synuclein, gamma (breast cancer-specific protein 1)
487	TGGCAGTCTGC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.6179	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 17 (72kD)
488	GAGCTGGTGAA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.6163	ESTs, Weakly similar to myotonic dystrophy kinase [H.sapiens]
489	TGGCAGCTTTT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.6153	CGI-48 protein
490	AAGCTGGAGGA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.55682	eukaryotic translation initiation factor 3, subunit 7 (zeta, 66/67kD)
491	GCTTCCATCTT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.55296	HLA-B associated transcript-1
492	GAGTGCAACCC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.54680	ESTs
493	TGGATCCTAGA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.5273	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 3 (30kD) (NADH-coenzyme Q reductase)
494	TATGTGATTTG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.5216	HSPC028 protein
495	GGGACGAGTGA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.3337	transmembrane 4 superfamily member 1
496	ATTGTTTCAAG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.32366	ESTs, Moderately similar to TWST_HUMAN TWIST RELATED PROTEIN [H.sapiens]
497	TTTCAGTGGGT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.31218	secretory carrier membrane protein 1
498	GTGAAACTCTT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.29759	RNA POLYMERASE I AND TRANSCRIPT RELEASE FACTOR
499	CTGGTGGCCAC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.286028	Human alpha-2 collagen type VI mRNA, 3' end
500	TAAACGTGGCA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.284146	hypothetical protein DKFZp762N0610
501	GTGGCTCATAC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.281094	ESTs
502	CAAACCTCAAAA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.279809	hypothetical protein PRO1741
503	GTGAGACCCCT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.269952	ESTs
504	CCTGTAGTCAC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.268900	ESTs
505	CACTTGTAATC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.268488	KIAA1185 protein
506	TTCAGTTGCTT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.26700	Homo sapiens cDNA FLJ10309 fis, clone NT2RM2000287

507	TTGACACTTTC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.26136	ESTs
508	GAGTAGCTGAG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.260039	sarcospan (Kras oncogene-associated gene)
509	TCCTGACCACC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.26002	LIM domain binding 1
510	CCACTGGACTC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.253913	ESTs
511	GTGCGGTACCT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.25313	microspherule protein 1
512	GTGAGAACTCG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.250639	ESTs
513	AGACCCTGTCT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.239283	ESTs
514	GCGGCTGACAG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.236511	ESTs, Moderately similar to RNA splicing-related protein [R.norvegicus]
515	AGCGAGAGAGG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.232146	ESTs, Weakly similar to bromodomain containing protein [H.sapiens]
516	AGCCACCACCC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.232045	ESTs
517	TTAAACTCTAA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.226213	cytochrome P450, 51 (lanosterol 14-alpha-demethylase)
518	AACACAGGAGG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.222874	ESTs, Moderately similar to zinc transporter 4 [H.sapiens]
519	AGATCAGTTGA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.191805	ESTs
520	AATCATTGAGG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.19150	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564A2164 (from clone DKFZp564A2164)
521	TAACCTAAGCA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.184542	CGI-127 protein
522	CGACTGCACTC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.182061	Novel human gene mapping to chromosome 22
523	AGGAGTCGACA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.181369	ubiquitin fusion degradation 1-like
524	AAATATGAGCT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.181368	U5 snRNP-specific protein (220 kD), ortholog of S. cerevisiae Prp8p
525	AAGTGATTCTG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.180677	zinc finger protein 162
526	GAGCTTTTGAA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.180638	Homo sapiens cDNA FLJ11066 fis, clone PLACE1004885
527	GACTGTTGCTG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.179902	Homo sapiens CTL1 gene
528	ACCATTCTGCT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.174195	interferon induced transmembrane protein 2 (1-8D)
529	TGGACCCCCCG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.173501	ESTs, Moderately similar to AF151825_1 CGI-67 protein [H.sapiens]
530	GTGCCAAACAC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.172216	chromogranin A

							(parathyroid secretory protein 1)
531	CACTTTACCAG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.170019	runt-related transcription factor 3
532	TGTTCTGATTT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.167835	acyl-Coenzyme A oxidase 1, palmitoyl
533	TCTAAAAAGGC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.16622	zinc finger protein 185 (LIM domain)
534	CCTCTGTCTCC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.161031	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434K0322 (from clone DKFZp434K0322); partial cds
535	GCTCAGATCGG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.158286	KIAA0446 gene product
536	GCCAACAGCAT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.155606	paired mesoderm homeo box 1
537	CGGAACACCGT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.155191	villin 2 (ezrin)
538	GAAACAAAATG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.14896	DHHC1 protein
539	CACTCGTGTGA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.146409	wingless-type MMTV integration site family, member 4
540	CCCGGCCCAA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.133207	PTPRF interacting protein, binding protein 1 (liprin beta 1)
541	GTGCCTAGGGA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.12854	ATRAP protein
542	CTGCTGCTGGT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.12289	Cdc42 effector protein 2
543	GCTCGTGGTCA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.119475	cold inducible RNA-binding protein
544	GTGGCTCATTC	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.116577	prostate differentiation factor
545	CCTGTGTGCAT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.11611	KIAA1424 protein
546	TGTAATAAAAA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.112743	synaptonemal complex protein 1
547	GAAAATAAAGT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.111334	ferritin, light polypeptide
548	CAGAGTTGTAT	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.109144	ESTs
549	GGTAGCCTGGG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.108327	damage-specific DNA binding protein 1 (127kD)
550	GCGGAACCTCA	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.10700	hypothetical protein
551	GGAGGTGGGAG	0,00	2,89	2,89	0,87	Hs.105097	thymidine kinase 1, soluble
552	GGCCCTAGGCA	8,33	24,05	2,89	2,53	Hs.78909	butyrate response factor 2 (EGF-response factor 2)
553	GTGACCTCCTT	8,33	2,89	2,88	1,20	Hs.81097	cytochrome c oxidase subunit VIII
554	CAACTAATTCA	8,33	2,89	2,88	1,20	Hs.75106	clusterin (complement lysis inhibitor, SP-40,40, sulfated glycoprotein 2, testosterone-repressed

							prostate message 2, apolipoprotein J)
555	CCCTTAGCTTT	8,33	2,89	2,88	1,20	Hs.233936	myosin, light polypeptide, regulatory, non-sarcomeric (20kD)
556	AGGGAGCAGAG	8,33	2,89	2,88	1,20	Hs.118223	microfibrillar-associated protein 4
557	GGAGTGTGCTC	21,86	7,70	2,84	2,35	Hs.9615	myosin regulatory light chain 2, smooth muscle isoform
558	CGGCAGAGCTG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.9610	purinergic receptor P2X, ligand-gated ion channel, 4
559	GTACAAAAGTA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.9552	binder of Arl Two
560	CGTGGGGTGGC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.92679	ESTs, Weakly similar to microtubule-based motor [H.sapiens]
561	TTTACAAGTTA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.91246	hypothetical protein DKFZp547O146
562	AGGAGCTGCTG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.90443	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 8 (23kD) (NADH-coenzyme Q reductase)
563	GGTGACCACCA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.83623	nuclear receptor subfamily 1, group I, member 3
564	CCACTCCTCCA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.82890	defender against cell death 1
565	TAAAATACTCC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.8125	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586E1521 (from clone DKFZp586E1521); partial cds
566	TTTTGAAGCAG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.80464	hepatitis B virus x-interacting protein (9.6kD)
567	CTGCCTCCTTA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.7918	uncharacterized hypothalamus protein HSMNP1
568	GTGTCCTCCTC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.78979	Golgi apparatus protein 1
569	CGCAAGCTGGT	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.77886	lamin A/C
570	AGGGGCCCGGGG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.77448	aldehyde dehydrogenase 4
571	CTCACTTTTTT	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.76722	CCAAT/enhancer binding protein (C/EBP), delta
572	TGGCTCCTCCC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.76506	lymphocyte cytosolic protein 1 (L-plastin)
573	TTTTCTGAAAA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.76136	thioredoxin
574	GTGGCAGAGAC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.75813	polycystic kidney disease 1 (autosomal dominant)
575	TGGTTTTGGCA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.75721	profilin 1

576	TACCCACCTT	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.75258	H2A histone family, member Y
577	TCTGTCCTCAG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.75216	protein tyrosine phosphatase, receptor type, F
578	CACAGAGTCCT	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.75140	low density lipoprotein-related protein-associated protein 1
579	GGCCCTGAGCG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.71618	polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide L (7.6kD)
580	GAGGCCATCCC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.70830	U6 snRNA-associated Sm-like protein LSm7
581	TTGTGATGTAA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.6975	PRO1073 protein
582	GAGTCCCTGGT	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.68398	period (Drosophila) homolog 1
583	CACACACACAC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.63984	cadherin 13, H-cadherin (heart)
584	GCTCACACCTG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.60617	sialyltransferase 4A (beta-galactosidase alpha-2,3-sialyltransferase)
585	TGATTGATTTG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.5912	F-box only protein 7
586	AAATGCGAACA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.5672	ESTs, Weakly similar to Similarity to Yeast D-lactate dehydrogenase [C.elegans]
587	TAGTTGTAGGG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.5324	hypothetical protein
588	GGCCCCGGACC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.4742	anchor attachment protein 1 (Gaa1p, yeast) homolog
589	GGGCCCAGGGG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.3803	reticulon 2
590	TAAACTGAAAA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.3491	ribosomal protein S14
591	GCTTTTATTCA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.31819	HT014
592	TACTGGTTTAT	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.30299	IGF-II mRNA-binding protein 2
593	GCAGTTGGATC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.284932	Homo sapiens clone 24650 ubiquitin hydrolase mRNA, partial cds
594	ACCTTCAAAAA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.28444	hypothetical protein FLJ10567
595	GACAGTGTGGG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.279863	nuclear mitotic apparatus protein 1
596	AAACCAGGGCC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.279836	HSPC166 protein
597	CTGAGGGTGGT	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.279761	HSPC134 protein
598	CTCGGAGGCCT	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.279623	selenoprotein X
599	TGAATGATACG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.278614	protease, serine, 15
600	GCTGCCCTTGA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.278242	tubulin, alpha, ubiquitous
601	TGATGTTCCAC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.277401	bromodomain adjacent to zinc finger domain, 2A
602	GTGTCGGCTGT	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.275959	eukaryotic translation

							elongation factor 1 beta 2
603	AAGTCATTGAG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.274416	NADH dehydroge- nase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 6 (14kD, B14)
604	GCGAAAACCCC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.272837	ESTs
605	GTGGCACTTGC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.272322	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434L092 (from clone DKFZp434L092)
606	CCTGTATCCCA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.270072	ESTs
607	CCTCCCCCGTC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.268763	Breakpoint cluster region protein, uterine leiomyoma, 1; barrier to autointegration factor
608	GCCCCTGCGCA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.267200	ESTs, Moderately similar to T20D3.3 [C.elegans]
609	GTGGCTCAGGC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.259047	ESTs
610	GGGCCCTGGCC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.25895	ESTs, Weakly similar to PI-3 kinase [H.sapiens]
611	GAGTTGGCAGT	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.258730	heme-regulated initiation factor 2- alpha kinase
612	TGGCTGTGTGG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.25709	ESTs, Weakly similar to PSF_HUMAN PTB-ASSOCIATED SPLICING FACTOR [H.sapiens]
613	TTCTTTTCTT	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.250722	(Manual assignment) MUG, Myeloid- upregulated protein
614	GTTCCAGCAGC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.23918	Homo sapiens clone 25116 mRNA se- quence
615	TCTCCAGGAAC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.237924	CGI-69 protein
616	TAATCCCAGCA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.236710	EST
617	CCTCTAATCCC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.236150	ESTs, Weakly similar to AF090942_1 PRO0657 [H.sapiens]
618	AGTTCGAGACC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.232540	ESTs
619	AAGTGAGGAGA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.231840	VW domain binding protein 2
620	GCTGGGAGGGG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.20733	ESTs
621	GTGGCTGACAC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.202234	ESTs
622	TTACAGTCTTA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.194110	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434C0814 (from clone DKFZp434C0814)
623	TAGCTCTATGG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.190703	ATPase, Na+/K+ transporting, alpha 1

							polypeptide
624	GGGGCCCCCTC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.18528	Sjogren's syndrome nuclear autoantigen 1
625	CCGCTGATCCA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.184161	exostoses (multiple) 1
626	GGGAAACAGGT	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.18368	DKFZP564B0769 protein
627	AAATACAGCAG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.182429	protein disulfide isomerase-related protein
628	AAAAAAAAAAG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.180842	ribosomal protein L13
629	CTGGGTCTCCA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.180842	ribosomal protein L13
630	AGGAAGGAACA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.173664	v-erb-b2 avian erythroblastic leukemia viral oncogene homolog 2 (neuro/glioblastoma derived oncogene homolog)
631	GCACGCGTAAC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.169552	ESTs, Weakly similar to BRDT [H.sapiens]
632	ATTTCAAGATG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.155097	carbonic anhydrase II
633	GCTGGCAGGCC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.154886	choline kinase-like
634	TCAATAAAACC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.151411	KIAA0916 protein
635	TCTTCCCCAGT	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.14231	selenoprotein W, 1
636	ATGGTGGGCAC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.132390	zinc finger protein 36 (KOX 18)
637	GTTTCTATCAA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.12540	lysophospholipase I
638	GTGGCACCTGC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.1244	CD9 antigen (p24)
639	ACTGCAGAGCG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.12186	Homo sapiens cDNA FLJ20792 fis, clone COL01292
640	CTCTGCCCTCC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.115412	ESTs, Weakly similar to dJ68O2.2 [H.sapiens]
641	GACCGCGGCTT	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.110903	claudin 5 (transmembrane protein deleted in velocardiofacial syndrome)
642	TTTGGTGTITG	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.11050	F-box only protein 9
643	GGAAGGACAGA	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.106876	Vacuolar proton-ATPase, subunit D; V-ATPase, subunit D
644	AAGATAATGCC	1,04	2,89	2,78	0,59	Hs.102696	MCT-1 protein
645	GATGCTGCCAA	3,12	8,66	2,78	1,19	Hs.99914	ribosomal protein L22
646	ACTGCCCGCTG	3,12	8,66	2,78	1,19	Hs.81071	extracellular matrix protein 1
647	GTGAAACCCGG	3,12	8,66	2,78	1,19	Hs.229170	ESTs
648	ATGTACTCTGG	2,08	5,77	2,77	0,91	Hs.75432	IMP (inosine monophosphate) dehydrogenase 2
649	TTCTTGTTTTG	2,08	5,77	2,77	0,91	Hs.74621	prion protein (p27-30) (Creutzfeld-Jakob disease, Gerstmann-Strausler-Scheinker

							syndrome, fatal familial insomnia)
650	GCGAGACCCTG	2,08	5,77	2,77	0,91	Hs.278531	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434A1014 (from clone DKFZp434A1014); partial cds
651	GGGTCAAAGG	2,08	5,77	2,77	0,91	Hs.181307	H3 histone, family 3A
652	TGGAGAAGAGC	2,08	5,77	2,77	0,91	Hs.179526	upregulated by 1,25-dihydroxyvitamin D-3
653	AAATCAATACA	5,21	1,92	2,71	0,86	Hs.94953	ESTs, Highly similar to C1QC_HUMAN COMPLEMENT C1Q SUBCOMPONENT, C CHAIN PRECURSOR_ [H.sapiens]
654	TGCTTTGGGAT	5,21	1,92	2,71	0,86	Hs.84344	CGI-135 protein
655	TCCGTGGTTGG	5,21	1,92	2,71	0,86	Hs.79516	brain acid-soluble protein 1
656	CAAGGGTAAGA	5,21	1,92	2,71	0,86	Hs.76224	EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 1
657	TTTGCACTTGT	5,21	1,92	2,71	0,86	Hs.75188	wee1+ (S. pombe) homolog
658	CAGCCCAACCG	5,21	1,92	2,71	0,86	Hs.28081	eukaryotic translation initiation factor 3, subunit 4 (delta, 44kD)
659	ATGAACCGCAG	5,21	1,92	2,71	0,86	Hs.252259	ribosomal protein S3
660	GCCCAGCGGCC	5,21	1,92	2,71	0,86	Hs.194385	hypothetical protein FLJ20234
661	ATGGCACGTGC	5,21	1,92	2,71	0,86	Hs.179999	stromal cell protein
662	TCTCTTTTCT	5,21	1,92	2,71	0,86	Hs.119529	epididymal secretory protein (19.5kD)
663	CCTGTCCTGCA	5,21	1,92	2,71	0,86	Hs.11417	Rab acceptor 1 (prenylated)
664	CTGAGAGCTGG	10,41	3,85	2,70	1,34	Hs.78501	growth arrest-specific 6
665	AGTCTGATGTT	10,41	3,85	2,70	1,34	Hs.173255	small nuclear ribonucleoprotein polypeptide A
666	CTAAAAAAAAA	22,90	8,66	2,64	2,28	Hs.23740	KIAA1598 protein
667	TGTGCTAAATG	7,29	19,24	2,64	1,98	Hs.250895	ribosomal protein L34
668	TACCATCAATA	30,19	11,54	2,62	2,77	Hs.169476	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase
669	CCCCTAATCCC	12,49	4,81	2,60	1,47	Hs.274168	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp761P0212 (from clone DKFZp761P0212); partial cds
670	AGAACCTTCCA	12,49	4,81	2,60	1,47	Hs.181244	major histocompatibility complex, class I,

							A
671	GTGGCGCACAC	4,16	10,58	2,54	1,28	Hs.246717	ESTs
672	GCCTACCCGAG	4,16	10,58	2,54	1,28	Hs.23582	tumor-associated calcium signal transducer 2
673	GTGGCGTGTGC	8,33	21,17	2,54	2,05	Hs.278627	prenylcysteine lyase
674	CTAACCAGACA	7,29	2,89	2,52	1,02	Hs.76368	capping protein (actin filament) muscle Z-line, beta
675	ACTGGGTCTAT	7,29	2,89	2,52	1,02	Hs.275163	non-metastatic cells 2, protein (NM23B) expressed in
676	GCCAGCCAGTG	7,29	2,89	2,52	1,02	Hs.149098	smoothelin
677	CCCCCTGCTGA	41,64	104,86	2,52	7,23	Hs.195850	keratin 5 (epidermolysis bullosa simplex, Dowling-Meara/Kobner/Weber-Cockayne types)
678	GGCGACAGAGC	3,12	7,70	2,47	1,03	Hs.92254	hypothetical protein FLJ20163
679	TAACAGCCAGG	3,12	7,70	2,47	1,03	Hs.81328	nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells inhibitor, alpha
680	GGCCCCTCACC	3,12	7,70	2,47	1,03	Hs.274313	insulin-like growth factor binding protein 6
681	GTTCTGGTTTA	3,12	7,70	2,47	1,03	Hs.241336	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564G0422 (from clone DKFZp564G0422)
682	TCAAAAAAAAAA	3,12	7,70	2,47	1,03	Hs.200188	deleted in lung and esophageal cancer 1
683	CACTTGCCCTA	3,12	7,70	2,47	1,03	Hs.15977	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 9 (22kD, B22)
684	CAATAAACTGA	3,12	7,70	2,47	1,03	Hs.150580	putative translation initiation factor
685	CCATTGCACTG	3,12	7,70	2,47	1,03	Hs.142457	ESTs, Moderately similar to alternatively spliced product using exon 13A [H.sapiens]
686	TAAACCTGCTG	31,23	76,96	2,46	5,39	Hs.99923	lectin, galactoside-binding, soluble, 7 (galectin 7)
687	CCACCGCACTC	6,25	15,39	2,46	1,60	Hs.222669	ESTs
688	AGCCTTTGTTG	18,74	7,70	2,43	1,83	Hs.9930	collagen-binding protein 2 (collagen 2)
689	CGCAGTGCCT	9,37	3,85	2,43	1,17	Hs.76159	ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal (vacuolar proton pump) 16kD
690	GTGGAGGGCAC	5,21	12,51	2,40	1,37	Hs.83393	cystatin E/M

691	TTTGCTCTCCC	11,45	4,81	2,38	1,30	Hs.75350	vinculin
692	CAGGCCCCACC	11,45	4,81	2,38	1,30	Hs.256290	S100 calcium-binding protein A11 (calgizzarin)
693	TGGCCAGCTCC	13,53	5,77	2,34	1,43	Hs.170121	protein tyrosine phosphatase, receptor type, C
694	CCGTGACTCTG	13,53	5,77	2,34	1,43	Hs.155712	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586O2223 (from clone DKFZp586O2223)
695	AATAAATTCCT	4,16	9,62	2,31	1,13	Hs.76307	neuroblastoma, suppression of tumorigenicity 1
696	CATCTGTACTC	4,16	9,62	2,31	1,13	Hs.180255	major histocompatibility complex, class II, DR beta 1
697	ATCGCTTTCTA	4,16	9,62	2,31	1,13	Hs.177486	amyloid beta (A4) precursor protein (protease nexin-II, Alzheimer disease)
698	CAAAAAAAAAA	4,16	9,62	2,31	1,13	Hs.112272	histone deacetylase 8
699	TCTGCAATGAA	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.8170	hypothetical protein
700	GCTTAACCTGG	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.77508	glutamate dehydrogenase 1
701	ATGAGCTGACC	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.695	cystatin B (stefin B)
702	ACTACCATAAC	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.57929	slit (Drosophila) homolog 3
703	CATTGTAAATA	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.55279	protease inhibitor 5 (maspin)
704	CGGATAACCAG	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.5181	proliferation-associated 2G4, 38kD
705	GCTCCCAGACT	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.5097	synaptogyrin 2
706	GCCTGCAGTCT	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.31439	serine protease inhibitor, Kunitz type, 2
707	CCTGTAGCCCC	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.277320	EST
708	CCGGAATCCCC	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.272813	dual oxidase 1
709	CTTCCTGTGAT	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.2533	aldehyde dehydrogenase 9 (gamma-aminobutyraldehyde dehydrogenase, E3 isozyme)
710	CCAGTAATCCC	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.237078	ESTs
711	AACTGCACTC	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.200454	ESTs
712	GTGGGTTGGCT	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.195432	aldehyde dehydrogenase 2, mitochondrial
713	AACGCGAACAC	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.18946	squamous cell carcinoma antigen recognised by T cells
714	GCCAGGAGCTA	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.18141	ladinin 1
715	GGAAAAAAAAA	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.177530	ATP synthase, H ⁺ transporting, mito-

							chondrial F1 complex, epsilon subunit
716	TATGACTTAAT	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.173737	Homo sapiens mRNA, clone:PO2ST9
717	GCCAAGGGGCC	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.168669	oxoglutarate dehydrogenase (lipoamide)
718	AAAAATAAAGG	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.155101	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F1 complex, alpha subunit, isoform 1, cardiac muscle
719	ATTATTTTCT	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.153	ribosomal protein L7
720	GCGAAACTCCA	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.112860	KIAA1353 protein
721	GCGCTGGAGTG	2,08	4,81	2,31	0,75	Hs.110695	ESTs, Weakly similar to B0495.6 [<i>C.elegans</i>]
722	CTGACCTGTGT	19,78	8,66	2,28	1,79	Hs.77961	major histocompatibility complex, class I, B
723	ATCCGCGAGGC	13,53	30,79	2,28	2,39	Hs.180142	(Manual assignment) CLSP Calmodulin-like skin protein
724	ACCTCCACTGG	42,68	95,24	2,23	5,58	Hs.112457	ESTs
725	TACCCTAGAAC	8,33	18,28	2,19	1,62	Hs.252588	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564F172 (from clone DKFZp564F172)
726	ATCATAGCTCA	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.97876	ESTs
727	TCTATAATCCC	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.96866	ESTs
728	GAATAAATGTT	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.8762	FK506-binding protein 9 (63 kD)
729	CTTGAGCAATA	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.848	FK506-binding protein 4 (59kD)
730	AGCCCTCCCTG	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.74111	RNA-binding protein (autoantigenic)
731	CTACCAGGCCT	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.54457	CD81 antigen (target of antiproliferative antibody 1)
732	GCGAAACCTCA	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.42644	thioredoxin-like
733	GACTCTGAAAA	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.2953	ribosomal protein S15a
734	GTTTGGCAGTG	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.283690	hypothetical protein
735	AGACCTCCTTC	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.281706	sortilin 1
736	GGAAGGGAGGC	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.279581	hypothetical protein FLJ20568
737	TTTGTGACTGT	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.239737	C-terminal binding protein 1
738	AGTGGTGGCTA	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.230	fibromodulin
739	AGAACAAAACC	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.180909	peroxiredoxin 1
740	GCTGGATGCGG	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.18075	chromosome 9 open reading frame 3

741	CCAGGAGGAAT	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.180414	heat shock 70kd protein 10 (HSC71)
742	CACCACAACAA	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.174139	chloride channel 3
743	GTCTGACCCCA	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.173902	protein phosphatase 2 (formerly 2A), regulatory subunit A (PR 65), alpha iso-form
744	AAGCGCTCTCG	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.168913	serine/threonine kinase 24 (Ste20, yeast homolog)
745	ATCCGCCTGCC	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.167956	ESTs, Weakly similar to KIAA0309 [H.sapiens]
746	CTTGTGTGTAG	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.158203	actin binding LIM protein 1
747	TGCTAAAAAAA	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.146550	myosin, heavy polypeptide 9, non-muscle
748	ATCCGTGCCCT	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.141011	calmodulin 3 (phosphorylase kinase, delta)
749	GTGGCGTGCGC	4,16	1,92	2,17	0,68	Hs.117582	CGI-43 protein
750	CCTTTGTCTTT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.99654	protein-O-mannosyltransferase 1
751	GCAACAGCAAT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.9950	Sec61 gamma
752	GCCTGGGACTC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.98057	ESTs, Weakly similar to I68667 transcription factor ZFM, splice form ABCDF - human [H.sapiens]
753	CTCTAGAGAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.97925	hypothetical protein
754	CCCTCCTGCTC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.96731	huntingtin interacting protein-1-related
755	AAGGTGGAGTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.9573	ATP-binding cassette, sub-family F (GCN20), member 1
756	AACAAGGTGAG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.94952	ESTs, Highly similar to transcription elongation factor TFIIIS.h [H.sapiens]
757	ACTGAAGGCGC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.92208	a disintegrin and metalloproteinase domain 15 (metargidin)
758	CTAATTAACT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.9194	putative glioblastoma cell differentiation-related
759	GCCTTGATCTC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.91146	DKFZP586E0820 protein
760	CCTCCCTGCTC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.90790	ESTs
761	GAGCCTGGATA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.9004	chondroitin sulfate proteoglycan 4 (melanoma-associated)

762	TTACAGCTGG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.89981	diacylglycerol kinase, zeta (104kD)
763	GCTTTACTTTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.8966	integral membrane protein 1
764	ACCTAGCCACT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.89463	potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M, alpha member 1
765	GACCTCCTGCC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.89449	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 11
766	CTCATATGTTA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.8939	yes-associated protein 65 kDa
767	TTATACAAAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.88558	ESTs
768	GCCCCCCCCGTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.85573	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp566N034 (from clone DKFZp566N034); partial cds
769	CTTTGATGTTC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.85100	WD repeat domain 1
770	CGGACTCACTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.84700	similar to phosphatidylcholine transfer protein 2
771	CATTTGTAAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.84429	KIAA0971 protein
772	CTTCTCACCGT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.84285	ubiquitin-conjugating enzyme E2I (homologous to yeast UBC9)
773	ACCAGCTGTCC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.84153	dynamitin (dynactin complex 50 kD subunit)
774	ACAAAATAAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.83469	nuclear factor (erythroid-derived 2)-like 1
775	AAACATTAGCC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.82911	protein tyrosine phosphatase type IVA, member 2
776	TAAATGAAAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.82120	nuclear receptor subfamily 4, group A, member 2
777	GAGACCCTGGA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.8088	similar to S. cerevisiae Sec6p and R. norvegicus rsec6
778	TTCCCTCGTGA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.80758	aspartyl-tRNA synthetase
779	AGGATAAAAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.79404	neuron-specific protein
780	GCAAATCCTGT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.79059	transforming growth factor, beta receptor III (betaglycan, 300kD)
781	GTCTCAGTCAT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.78943	bleomycin hydrolase
782	ACCAGACAGAC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.7882	ESTs
783	GTTGTAAAATA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.7869	lysophosphatidic acid acyltransferase-delta
784	CTCACTAGTGG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.78683	ubiquitin specific

							protease 7 (herpes virus-associated)
785	AAACGAAGTTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.78353	SFRS protein kinase 2
786	AGCTCTTGAG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.7833	selenium binding protein 1
787	AGTCGCCTTCA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.7811	eukaryotic translation initiation factor 3, subunit 5 (epsilon, 47kD)
788	CGATGGTCCCC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.7771	B-cell associated protein
789	ACTGCTTGCCC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.77502	methionine adenosyltransferase II, alpha
790	TAAAAGACAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.77196	spectrin, alpha, non-erythrocytic 1 (alpha-fodrin)
791	GACTCGCCCAC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.77171	minichromosome maintenance deficient (S. cerevisiae) 5 (cell division cycle 46)
792	TATATTGATTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.77054	B-cell translocation gene 1, anti-proliferative
793	CTGGGACTGAC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.76719	U6 snRNA-associated Sm-like protein
794	CTCTTCGAGAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.76686	glutathione peroxidase 1
795	TCTGTCAAGAC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.76572	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F1 complex, O subunit (oligomycin sensitivity conferring protein)
796	ATGAAAAGAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.76550	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564B1264 (from clone DKFZp564B1264)
797	AACACATCAGC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.76253	spinocerebellar ataxia 2 (olivopontocerebellar ataxia 2, autosomal dominant, ataxin 2)
798	AAAACCTGTAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.75914	coated vesicle membrane protein
799	CCTTGGTTTTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.75875	ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1
800	AGTTTCCCAAT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.75854	sulfotransferase family, cytosolic, 1C, member 2
801	GATTTTTTAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.75447	ralA binding protein 1
802	AGGGGATTCCC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.75412	Arginine-rich protein
803	ACAAATCCTTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.752	FK506-binding protein 1A (12kD)

804	GTGACAGACAT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.75117	interleukin enhancer binding factor 2, 45kD
805	CAGACTTTTTT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.74649	cytochrome c oxidase subunit VIc
806	TGCGGCTGGTT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.74617	dynactin 1 (p150, Glued (Drosophila) homolog)
807	GGCTGCCCTGG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.74566	dihydropyrimidinase-like 3
808	CCTGTAACACC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.74304	periplakin
809	GTTTCAGTTAC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.7016	RAB7, member RAS oncogene family
810	CTGGAATAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.69745	ferredoxin reductase
811	GTGATGTACGG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.6639	Homo sapiens cDNA FLJ20818 fis, clone ADSE00627
812	CAGCCTTGAC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.65648	RNA binding motif protein 8
813	GTGGATGGACT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.6418	seven transmembrane domain orphan receptor
814	TGCCAGAAATG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.63510	KIAA0141 gene product
815	AATAATCCTGG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.62908	ESTs
816	GGAGGGATCAG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.6196	integrin-linked kinase
817	GGATTCCAGTT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.5321	ARP3 (actin-related protein 3, yeast) homolog
818	TAATTTCTCAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.5306	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586F1122 (from clone DKFZp586F1122)
819	CCTGTAGACCC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.5123	inorganic pyrophosphatase
820	CTGCAACCTAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.50785	SEC22, vesicle trafficking protein (S. cerevisiae)-like 1
821	GACGGCTGCAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.4909	dickkopf (Xenopus laevis) homolog 3
822	CATTGCAGGAT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.4288	hypothetical protein DKFZp434K046
823	GCAGAGATGGG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.39850	hypothetical protein FLJ20517
824	TCAGTTTGGAG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.3873	palmitoyl-protein thioesterase 1 (cereoid-lipofuscinosis, neuronal 1, infantile)
825	ATAGCTGGGGC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.3446	mitogen-activated protein kinase kinase 1
826	CGTACAGCCCC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.32580	KIAA1448 protein
827	GTGAAACCGTC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.30596	Homo sapiens mRNA full length insert cDNA clone EUROIMAGE 43465

828	ATTACAAACCT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.30376	hypothetical protein
829	AGGATCACTTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.287355	ESTs
830	CAGATTAGTTA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.286195	Homo sapiens clone 25244 DEAD-box protein p72 mRNA sequence, complete cds
831	AGGGGGGAGGG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.284181	hypothetical protein DKFZp434P0531
832	ATTTCCATTAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.284126	hairless (mouse) homolog
833	TCATTGTAATG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.283722	GTT1 protein
834	GTAACAAGCTC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.279849	KIAA0438 gene product
835	CTAATAAACTT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.279583	CGI-81 protein
836	ACATCCTCACC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.279554	proteasome (pro- some, macropain) 26S subunit, non- ATPase, 13
837	CTCCAATAAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.278559	talin
838	CCACTGCATTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.278551	ESTs
839	ATTTTTTTCAG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.278004	EST
840	TTCTCTCAACT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.27445	unknown
841	GTGGCGAGCAC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.261831	EST
842	CACCTTCTGCC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.25511	transforming growth factor beta 1 induced transcript 1
843	TCTCTGCAAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.25489	hypothetical protein FLJ20640
844	AAAGGGGGCAG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.249247	heterogeneous nuclear protein simi- lar to rat helix desta- bilizing protein
845	CGGAGGTGGGA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.2491	DiGeorge syndrome critical region gene 2
846	TAACTCCAAAG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.24743	hypothetical protein FLJ20171
847	ATGTCCAATTT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.247309	succinate-CoA ligase, GDP-forming, beta subunit
848	CATCCAAAACA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.245710	heterogeneous nuclear ribonucleo- protein H1 (H)
849	GGAGTCTAACT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.240170	ESTs, Moderately similar to alternatively spliced product using exon 13A [H.sapiens]
850	TGCTAGATTGG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.239663	myeloid/lymphoid or mixed-lineage leuke- mia
851	GCCCCAGCGAG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.238296	ADP-ribosylation factor binding protein GGA1
852	CTGTGAAATGC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.23618	hypothetical protein FLJ10704

853	GATCACAGTTT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.234489	lactate dehydroge- nase B
854	GTGAAACACCA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.231777	EST
855	ATCCACCTGCC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.231656	EST
856	GAGGCCAGTGA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.2280	ribophorin I
857	AAGTACGAGGA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.22660	ESTs
858	CCTACTGCACT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.225641	ESTs, Moderately similar to KIAA0680 protein [H.sapiens]
859	TTCTCTGCTCA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.21907	histone acetyltrans- ferase
860	TACGTTGCAGC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.21756	translation factor sui1 homolog
861	TACCAAGGATT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.21729	splicing factor 3a, subunit 1, 120kD
862	CTGTAGAAATG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.215595	guanine nucleotide binding protein (G protein), beta poly- peptide 1
863	GTGAAACCCTT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.206955	ESTs
864	ACTGCTGAACC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.200600	secretory carrier membrane protein 3
865	TTGCGGAGCCC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.199695	hypothetical protein
866	TGCCGTAAATG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.199067	v-erb-b2 avian eryth- roblastic leukemia viral oncogene ho- molog 3
867	ATCAGTGTGCA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.194662	calponin 3, acidic
868	ACCAGCCAAAG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.193090	ESTs, Highly similar to AF161437_1 HSPC319 [H.sapiens]
869	AACAGATATTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.190161	LR8 protein
870	TTGGCAAGGCT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.184720	ESTs
871	TCTGGGGAACA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.184390	similar to aspartate beta hydroxylase (ASPH)
872	GCTCTCGGCGG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.183994	protein phosphatase 1, catalytic subunit, alpha isoform
873	GGACTGAGTCA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.18387	transcription factor AP-2 alpha (activat- ing enhancer-binding protein 2 alpha)
874	GAGCACTTGGG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.182937	peptidylprolyl isomer- ase A (cyclophilin A)
875	TTTTGTGTGAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.182698	hypothetical protein FLJ10024
876	CCTGTAATTGC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.181464	ESTs
877	ACCCCTTCCT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.181392	major histocompati- bility complex, class I, E
878	GCCTGGGACCT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.180871	protein kinase C, alpha binding protein
879	AGGAAAAAAAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.180639	EST
880	GTTTGGAGCTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.180533	mitogen-activated

							protein kinase kinase 3
881	GGCAACAAAAG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.180446	karyopherin (importin) beta 1
882	TTCCATACCCC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.180398	LIM domain-containing preferred translocation partner in lipoma
883	CAACTTAGTTT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.180224	death-associated protein 6
884	GCATATTAATA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.178658	RAD23 (S. cerevisiae) homolog B
885	GACTCTCTCAG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.178576	similar to Bos taurus P14 protein
886	TATCCAGAAT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.175819	EST
887	TGAACCTTCCT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.17567	ESTs
888	GAAATGGGGAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.173933	Homo sapiens mRNA for KIAA1439 protein, partial cds
889	TACTAAAAAAG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.173611	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S protein 2 (49kD)
890	AACTGGCTGCT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.173381	dihydropyrimidinase-like 2
891	TGGAAATGAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.172928	collagen, type I, alpha 1
892	TGAGGGATGGA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.172740	microtubule-associated protein, RP/EB family, member 3
893	CAGTGGGGTTA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.17138	hypothetical protein FLJ20303
894	GAGGGTTCCAG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.167835	acyl-Coenzyme A oxidase 1, palmitoyl
895	ACCCATCGCCT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.165428	ESTs
896	CACTGTGTGTA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.164207	ESTs
897	AGGCAGAGGTT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.164129	ESTs
898	TTCTGGACCCA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.155543	proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 7 (Mov34 homolog)
899	ATGGCCATAGA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.155206	serine/threonine kinase 25 (Ste20, yeast homolog)
900	GCGGGAGGGCT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.154162	ADP-ribosylation factor-like 2
901	AGGCATTGAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.151734	nuclear transport factor 2 (placental protein 15)
902	GTCTTTCTTGG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.151536	RAB13, member RAS oncogene family
903	GCAAAACCAGC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.15071	chaperonin containing TCP1, subunit 8 (theta)
904	TGAAGTAACAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.150580	putative translation

							initiation factor
905	CAATTAAGG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.149923	X-box binding protein 1
906	TTTGAGGATTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.147916	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 3
907	GAGTAGAGAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.145279	SET translocation (myeloid leukemia-associated)
908	AAGCCAGCCCC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.1432	protein kinase C substrate 80K-H
909	TATCTGGTCTT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.142258	signal transducer and activator of transcription 3 (acute-phase response factor)
910	GTTCTCCCACT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.14038	sec61 homolog
911	CCGAGTTTTTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.139709	ESTs
912	TGGAAGGGCAC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.132785	EAP30 subunit of ELL complex
913	AAGGCGTTTCC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.13255	KIAA0930 protein
914	TGCCTTAGTAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.13015	ESTs, Highly similar to MTJ1_MOUSE DNAJ PROTEIN HOMOLOG MTJ1_[M.musculus]
915	TTTCTGGAGGT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.129943	KIAA0545 protein
916	CCTGGCCAAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.126824	EST
917	CAGAATAATGT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.125031	cho-line/ethanolaminephosphotransferase
918	CGGGGACGAGG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.124942	protein phosphatase 2A 48 kDa regulatory subunit
919	ACAGCCGTGGG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.123090	SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily f, member 1
920	AGTCTCCCCTA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.12303	suppressor of Ty (S.cerevisiae) 6 homolog
921	TGATGTGATCA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.12272	beclin 1 (coiled-coil, myosin-like BCL2-interacting protein)
922	ACCAGGCCACC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.12068	carnitine acetyltransferase
923	TCCTTCTCCAC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.119000	actinin, alpha 1
924	AATGAATAAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.118797	ubiquitin-conjugating enzyme E2D 3 (homologous to yeast UBC4/5)
925	GATGGGGACAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.118724	DR1-associated protein 1 (negative cofactor 2 alpha)
926	TTGGGAGGCTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.118269	ESTs, Weakly similar

							to A46010 X-linked retinopathy protein [H.sapiens]
927	CCTTATATTTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.118174	tetratricopeptide repeat domain 3
928	CAGCAGAACTG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.117582	CGI-43 protein
929	CCACCACACCC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.117582	CGI-43 protein
930	ACTCGCTCTGT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.11669	laminin, alpha 5
931	AGTATCTGGGA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.11538	actin related protein 2/3 complex, subunit 1A (41 kD)
932	AATGAAAAAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.11393	RAD51 (S. cerevisiae) homolog C
933	TAGTTGGAAC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.1119	nuclear receptor subfamily 4, group A, member 1
934	AACCCAACTC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.11184	hypothetical protein FLJ20419
935	GAGGCCTCAGC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.11184	hypothetical protein FLJ20419
936	TTTGTAAAAC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.111244	hypothetical protein
937	TTCAGCGTTCT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.109929	hypothetical protein MPMGp800B12492Q3
938	GCCAGACCCCT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.108945	KIAA0515 protein
939	GCTGGCTGGCT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.108809	chaperonin containing TCP1, subunit 7 (eta)
940	GTTGGGAGTCC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.108504	hypothetical protein FLJ20113
941	TCTTCTAAAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.108112	histone fold protein CHRAC17; DNA polymerase epsilon p17 subunit
942	AGAAAGAATCT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.107979	small membrane protein 1
943	CCCATCTAGCT	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.106070	cyclin-dependent kinase inhibitor 1C (p57, Kip2)
944	TCTGCAAGCAG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.105598	ESTs, Weakly similar to neural variant mena++ protein [M.musculus]
945	AAAGAACATAG	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.104558	ESTs
946	GGCAAACCTTA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.102497	paxillin
947	AGGGACATAAA	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.101516	BAI1-associated protein 3
948	TAAAGATCCTC	2,08	0,96	2,17	0,46	Hs.100407	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564H2416 (from clone DKFZp564H2416)
949	TCAAGCCATCA	24,99	11,54	2,17	1,97	Hs.738	early growth response 1
950	CCTGGCTAATT	20,82	9,62	2,16	1,75	Hs.25661	ESTs

951	GCTGTAATCCC	10,41	4,81	2,16	1,15	Hs.184019	Homo sapiens clone 23551 mRNA sequence
952	AAGCACAAAAA	8,33	3,85	2,16	1,01	Hs.9963	TYRO protein tyrosine kinase binding protein
953	CCCACTTGTA	8,33	3,85	2,16	1,01	Hs.75922	brain protein I3
954	GCTTGGATCTC	8,33	3,85	2,16	1,01	Hs.250723	FK506 binding protein 12-rapamycin associated protein 1
955	CCACTGCTCTC	8,33	3,85	2,16	1,01	Hs.23510	Kruppel-like factor 12
956	TTGGCCAGACT	6,25	2,89	2,16	0,86	Hs.91728	polymyositis/scleroderma autoantigen 1 (75kD)
957	AGGTCCTAGCC	6,25	2,89	2,16	0,86	Hs.226795	glutathione S-transferase pi
958	GTGGTGTACGC	6,25	2,89	2,16	0,86	Hs.182225	RNA binding motif protein 3
959	AGCCCAGGAGG	6,25	2,89	2,16	0,86	Hs.136340	ESTs, Weakly similar to unnamed protein product [H.sapiens]
960	CAGATCTTTGT	6,25	2,89	2,16	0,86	Hs.119502	ubiquitin A-52 residue ribosomal protein fusion product 1
961	CCGTGGTCGTG	3,12	6,73	2,16	0,88	Hs.99853	fibrillarin
962	AGACCAAAGTG	3,12	6,73	2,16	0,88	Hs.82646	heat shock 40kD protein 1
963	TGAGTCTGGCT	3,12	6,73	2,16	0,88	Hs.4055	chromosome 21 open reading frame 50
964	GCAAACTCTG	3,12	6,73	2,16	0,88	Hs.278746	ESTs
965	CCAGCTGCCAA	3,12	6,73	2,16	0,88	Hs.2055	ubiquitin-activating enzyme E1
966	GCGAAATCCCG	3,12	6,73	2,16	0,88	Hs.194251	ESTs
967	AAGGATGCCAA	3,12	6,73	2,16	0,88	Hs.169946	GATA-binding protein 3
968	CAGCTATTTCA	3,12	6,73	2,16	0,88	Hs.153179	fatty acid binding protein 5 (psoriasis-associated)
969	GAATTATACTT	3,12	6,73	2,16	0,88	Hs.104800	hypothetical protein FLJ10134
970	GGAGGGGGGCTT	9,37	20,20	2,16	1,70	Hs.77886	lamin A/C
971	AAGGAGATGGG	7,29	15,39	2,11	1,41	Hs.184014	ribosomal protein L31
972	GGAGGTGGGGC	7,29	15,39	2,11	1,41	Hs.180577	granulin
973	GAAAACAAAGT	153,04	319,40	2,09	14,34	Hs.99936	keratin 10 (epidermolytic hyperkeratosis; keratosis palmaris et plantaris)
974	TTGGCTTTTCT	4,16	8,66	2,08	1,00	Hs.218329	hypothetical protein
975	GTGAAGCCCCA	4,16	8,66	2,08	1,00	Hs.171501	ubiquitin specific protease 11
976	ATGGCAACAGA	4,16	8,66	2,08	1,00	Hs.149609	integrin, alpha 5 (fibronectin receptor, alpha polypeptide)
977	CGGGAGCGCTA	4,16	8,66	2,08	1,00	Hs.148590	ESTs, Weakly similar to AF208846_1 BM-

							004 [H.sapiens]
978	TGTGATCAGAC	4,16	8,66	2,08	1,00	Hs.107476	ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F1F0, subunit g
979	CTTCTCCAAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.99949	prolactin-induced protein
980	CAGTTTTTTTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.99597	ESTs
981	TCAGAGAATAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.99486	ESTs
982	TGGGTCATTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.98073	ESTs
983	AGGTTTCCTCC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.9736	proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 3
984	AACGGGGCCCT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.97203	small inducible cytokine subfamily A (Cys-Cys), member 22
985	CTTAGCCCCAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.96908	ESTs
986	CCTGGTCAAGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.95972	silver (mouse homolog) like
987	TACCCCTTGAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.95834	ESTs
988	TTTTGTTTTGT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.95583	transmembrane 4 superfamily member (tetraspan NET-7)
989	TTGCCTGGAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.95260	Autosomal Highly Conserved Protein
990	TTATTCCACAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.93765	lipoma HMGIC fusion partner
991	GTCTCATTTGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.92381	nudix (nucleoside diphosphate linked moiety X)-type motif 4
992	GTGGTCAAGTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.92127	ESTs
993	CACACCCCTGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.90061	progesterone binding protein
994	AATGAATGAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.8986	complement component 1, q subcomponent, beta polypeptide
995	ATGCGAAAGGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.89466	dodecenoyl-Coenzyme A delta isomerase (3,2 trans-enoyl-Coenzyme A isomerase)
996	AGCACGACCCG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.89434	drebrin 1
997	GCAATAAATGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.89434	drebrin 1
998	GGGGCTTAGGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.89135	KIAA1528 protein
999	GTAAATCCTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.8881	ESTs, Weakly similar to RMS1_HUMAN REGULATOR OF MITOTIC SPINDLE ASSEMBLY 1 [H.sapiens]
1000	GACTTCTGTCC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.87539	aldehyde dehydrogenase 8

1001	GCACAATGGGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.85838	solute carrier family 16 (monocarboxylic acid transporters), member 3
1002	GAGCGCAGCGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.83727	cleavage and polyadenylation specific factor 1, 160kD subunit
1003	CAGGCTTTTTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.83484	SRY (sex determining region Y)-box 4
1004	ACACTTCTTTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.83381	guanine nucleotide binding protein 11
1005	TACAGTATTTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.82921	solute carrier family 35 (CMP-sialic acid transporter), member 1
1006	CAGCCCCTCTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.82503	H.sapiens mRNA for 3'UTR of unknown protein
1007	AAAAGGCACTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.82425	actin related protein 2/3 complex, subunit 5 (16 kD)
1008	ACCATAATGTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.821	zinc finger protein homologous to Zfp92 in mouse
1009	GGGCCCCCTGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.81994	glycophorin C (Ger-bich blood group)
1010	TCAGAAAAAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.8118	KIAA0650 protein
1011	AAAACATTATG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.80917	adaptor-related protein complex 3, sigma 1 subunit
1012	GCTCCGTAAGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.80712	KIAA0202 protein
1013	AGTAAACCATC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.80285	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586C1723 (from clone DKFZp586C1723)
1014	GAAATTTGAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.79457	hypothetical protein FLJ20519
1015	CACTCAATAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.79361	kallikrein 6 (neurosin, zyme)
1016	ATACTTTAATC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.79274	annexin A5
1017	CAGGTTGAAGT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.79219	RalGDS-like gene; KIAA0959 protein
1018	CTGCTTCCTGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.78921	A kinase (PRKA) anchor protein 1
1019	CTTTGCACTCT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.78869	transcription elongation factor A (SII), 1
1020	TGGGCGCCTTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.78601	uroporphyrinogen decarboxylase
1021	TTTTCTTTTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.78546	ATPase, Ca++ transporting, plasma membrane 1
1022	CTGGGGGGAAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.77864	KIAA0638 protein
1023	GATTGTGCAAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.76666	C9orf10 protein
1024	GCCCTGTAGTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.76578	protein inhibitor of

							activated STAT3
1025	TGACAATTTTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.75912	KIAA0257 protein
1026	GATGTATTCTA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.75844	ESTs, Highly similar to AF151903_1 CGI-145 protein [H.sapiens]
1027	TATTTTCTAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.7579	hypothetical protein FLJ10402
1028	CTGGATCTGGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.75658	phosphorylase, glycogen; brain
1029	TATTTTGTGAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.75607	myristoylated alanine-rich protein kinase C substrate (MARCKS, 80K-L)
1030	TTGTTTAATTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.75546	capping protein (actin filament) muscle Z-line, alpha 2
1031	CGTTCCTGCGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.75424	inhibitor of DNA binding 1, dominant negative helix-loop-helix protein
1032	CACTCAGTGTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.75379	solute carrier family 1 (glial high affinity glutamate transporter), member 3
1033	GCTAGGTCTGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.75354	GCN1 (general control of amino-acid synthesis 1, yeast)-like 1
1034	GGAAGAGCACT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.75268	sialyltransferase 4C (beta-galactosidase alpha-2,3-sialyltransferase)
1035	ATGCAGCCATA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.75212	ornithine decarboxylase 1
1036	CATCTGTGAGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.75189	death-associated protein
1037	CACTTTTGGGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.75080	LIM and SH3 protein 1
1038	ATTTTGTGTCA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.75056	adaptor-related protein complex 3, delta 1 subunit
1039	GCCGGGTGGGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.74631	basigin
1040	CATCCTGCTGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.74619	proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 2
1041	GCTGTATAATT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.74170	metallothionein 1E (functional)
1042	GGAACCAGGTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.7404	ESTs
1043	AAAAAGAAACT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.73287	KIAA1235 protein
1044	TCTGTATCCCC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.724	thyroid hormone receptor, alpha (avian erythroblastic leukemia viral (v-erb-a) oncogene homolog)

1045	CACTGGACGAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.71574	ESTs
1046	CAAATAAAATG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.71465	squalene epoxidase
1047	TGTCAAAAAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.7120	cytokine receptor-like molecule 9
1048	ATGTCGTGGTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.6900	ring finger protein 13
1049	TCTTTACTTGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.6895	actin related protein 2/3 complex, subunit 3 (21 kD)
1050	TGCCTGGAAC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.6820	ESTs, Weakly similar to putative [C.elegans]
1051	GGGCTCTGAGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.6770	LCAT-like lysophospholipase
1052	TTGGACTGAGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.6518	ganglioside expression factor 2
1053	ATGCAGTTCAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.65135	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434E0121 (from clone DKFZp434E0121)
1054	ATTGAGCCACA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.63290	2-hydroxyphytanoyl-CoA lyase
1055	TGTTTCAGGAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.6216	tumorous imaginal discs (Drosophila) homolog
1056	CCTGCCTCGTA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.61490	schwannomin interacting protein 1
1057	AATAGGGGAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.6147	KIAA1075 protein
1058	GCCGAGACCAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.61258	argininosuccinate lyase
1059	TTCAGGAGGGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.5890	ESTs, Weakly similar to A49134 Ig kappa chain V-I region [H.sapiens]
1060	TTGTTATATTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.5862	hypothetical protein
1061	TGAGTTTTACA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.58373	ESTs
1062	TGCTTATTGAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.5822	lectin, mannose-binding, 1
1063	AGTCAAGCCCC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.57687	four and a half LIM domains 3
1064	GTATTCCTAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.5724	ESTs, Weakly similar to multi PDZ domain protein MUPP1 [H.sapiens]
1065	AGCCGGGCTTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.57079	ESTs
1066	CCTCTCTGGTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.56874	heat shock 27kD protein family, member 7 (cardiovascular)
1067	AGTGTGTTGCA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.56105	ESTs, Weakly similar to WDNM_RAT WDNM1 PROTEIN PRECURSOR_ [R.norvegicus]
1068	TCAGGCATTTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.5566	gap junction protein, beta 2, 26kD (connexin 26)

1069	TGTGTGTGACA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.55148	ESTs
1070	TGCAGACCCAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.5437	Tax1 (human T-cell leukemia virus type I) binding protein 1
1071	TAATTTTTACT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.52256	hypothetical protein FLJ20624
1072	ATTGTTTCTTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.52081	KIAA0867 protein
1073	CTTTTGTTTGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.5094	ring finger protein 10
1074	GTCTTAACCTCA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.5074	similar to S. pombe dim1+
1075	TAATAAAGCAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.4888	seryl-tRNA synthetase
1076	CCACGCACTGT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.48778	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586O0221 (from clone DKFZp586O0221)
1077	ACTCACGATTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.4814	mannosidase, alpha, class 1B, member 1
1078	TAACCAATCAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.479	RAB5C, member RAS oncogene family
1079	GGCCTCTGATG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.46670	PRO1575 protein
1080	CCCAATTTTCA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.46405	polymerase (RNA) II (DNA directed) polypeptide F
1081	TTTGTGGAATG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.44856	ESTs
1082	TCTTTGCTCTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.44077	hypothetical protein FLJ10793
1083	AGGACTTCTGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.43847	ESTs, Weakly similar to SFR7_HUMAN SPLICING FACTOR, ARGININE/SERINE-RICH 7 [H.sapiens]
1084	ATAATAAAGCT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.37682	retinoic acid receptor responder (tazartene induced) 2
1085	CTTTTCATCAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.3726	x 003 protein
1086	TGGTCCCTCTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.36587	protein phosphatase 1, regulatory subunit 7
1087	TCTAGTCACTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.36565	ESTs
1088	GACTGCTCTGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.36475	ESTs
1089	GGGAAAGAGGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.35096	KIAA1538 protein
1090	GAGCTCCACAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.3407	protein kinase (cAMP-dependent, catalytic) inhibitor gamma
1091	TATGAAAACAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.3337	transmembrane 4 superfamily member 1
1092	GCCACGTTGTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.32352	hypothetical protein DKFZp434K1210
1093	TCCTCTACCTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.32018	SNARE associated protein snapin
1094	GGAGCAGACGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.31718	Homo sapiens cDNA

							FLJ11034 fis, clone PLACE1004258
1095	AATATTTTAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.31386	ESTs, Highly similar to JE0174 frizzled protein-2 - human [H.sapiens]
1096	GAGAGCCTGCC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.31305	transducin-like en- hancer of split 3, homolog of Drosophila E(sp1)
1097	GGCATTGTTCA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.3128	polymerase (RNA) II (DNA directed) poly- peptide H
1098	GAAATGGCAGT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.30853	ESTs
1099	TTACCAAAGCA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.30246	solute carrier family 19 (thiamine trans- porter), member 2
1100	GTATTGGCCTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.28757	transmembrane 9 superfamily member 2
1101	GTGTAAATGGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.286131	CGI-101 protein
1102	TTCACATTGTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.285804	ESTs
1103	CAGCTCATCTA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.285634	Homo sapiens HSPC222 mRNA, complete cds
1104	AAACCCCAATA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.285501	Human rearranged immunoglobulin lambda light chain mRNA
1105	TCATTTGGTGT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.285439	ESTs
1106	ACTGTGGACTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.285122	ESTs, Weakly similar to S53869 laminin beta-2 chain precur- sor [H.sapiens]
1107	ACTGAGGTGCC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.284159	FIBP-1 protein
1108	AGAGAAGAATG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.2841	neuromedin U
1109	CTGGAGGCACA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.283976	Homo sapiens clone TCBA00888 mRNA sequence
1110	GAGCCAACAAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.283680	hypothetical protein
1111	AGGATTGTTTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.283545	ESTs
1112	ATGTATGGGGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.283429	SMC (mouse) ho- molog, X chromo- some
1113	TTGTAATAAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.283429	SMC (mouse) ho- molog, X chromo- some
1114	ATGAAACCCTA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.282671	EST
1115	ACGTGGTGATG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.279945	HSPC023 protein
1116	GAAATCCGCAC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.279854	mannosidase, alpha, class 2B, member 1
1117	CTTTACTGTGT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.279853	HSPC018 protein
1118	TGTGTTGTGTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.279806	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434E109

							(from clone DKFZp434E109)
1119	TGAGATTTCTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.279061	CGI-150 protein
1120	GTAAAGATTTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.278629	ESTs
1121	GTCGGACACTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.278559	talin
1122	GCTGGGCGCGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.278070	EST
1123	CTTGTAATCTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.278002	EST
1124	GTGGGTGTCCT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.27633	DKFZP586B0519 protein
1125	GGCAATGCAGT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.275505	ESTs
1126	GTATAAAAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.27337	hypothetical protein FLJ20623
1127	ACACCTCTAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.273230	hypothetical protein FLJ10830
1128	CACCTGTAGTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.271053	ESTs, Weakly similar to A46010 X-linked retinopathy protein [H.sapiens]
1129	TCACTCCAGCC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.270497	ESTs
1130	TGTACATATGT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.268384	homolog of yeast CDH1/HCT1
1131	GCTCTGTAAGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.268149	putative methyl-transferase
1132	AATGTCCAGTA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.26373	ESTs
1133	TTGTTAAGCCT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.26243	Homo sapiens cDNA FLJ11177 fis, clone PLACE1007402
1134	TCTGGCTAATT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.262198	ESTs
1135	TGTTAATGTTA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.261828	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434N0211 (from clone DKFZp434N0211)
1136	TCTGTAACACC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.260622	butyrate-induced transcript 1
1137	GGGGTTTGTTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.258455	EST
1138	ACATAGTCTGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.25766	ESTs
1139	CGGATAAGGCC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.256526	nuclear prelamin A recognition factor
1140	ATCTGAAGCAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.256311	granin-like neuroendocrine peptide precursor
1141	AAAGGCATCAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.256297	integrin, alpha 11
1142	CCCGCCAGTGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.256297	integrin, alpha 11
1143	TATGCTGAAAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.255277	ESTs
1144	AGGAGCGGGGT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.252189	syndecan 4 (amphiglycan, ryudocan)
1145	TTCACTTCAAC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.250911	Homo sapiens clone 23967 unknown mRNA, partial cds
1146	TTGTATCAGAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.250723	FK506 binding protein 12-rapamycin associated protein 1
1147	AGGTATATATC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.24715	Homo sapiens

							mRNA; cDNA DKFZp434D0215 (from clone DKFZp434D0215); partial cds
1148	ATGGAAAGGAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.243901	Homo sapiens cDNA FLJ20738 fis, clone HEP08257
1149	CCTCCAGCTAC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.242463	keratin 8
1150	TATCTAGCTGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.241545	hypothetical protein
1151	GCTGTAATCCT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.241382	tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 15
1152	TGAAGAGACTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.240767	Human DNA se- quence from clone RP1-12G14 on chromosome 6q24.1- 25.2.
1153	GGACCACCCAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.239298	microtubule- associated protein 4
1154	ATCCTACTGTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.239218	uncharacterized hypothalamus protein HCDASE
1155	CTTAGGAGTCA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.23853	ESTs
1156	GGTGACAGAAC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.234890	EST
1157	TGCCACCACGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.233480	EST
1158	GGCTTGTCTAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.23294	ESTs, Weakly similar to weak similarity to HSP90 [C.elegans]
1159	AACTGGGAGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.231722	ESTs
1160	AACCCGGGGAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.228009	EST
1161	TTCTCCTCTTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.22451	hypothetical protein FLJ10357
1162	CCAATGTTGTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.22209	ESTs
1163	CAGCTCTTAGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.22208	Homo sapiens mRNA full length insert cDNA clone EUROIMAGE 30872
1164	GAAGTGCTGCT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.21812	ESTs
1165	GAATGTTTTTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.21432	SEX gene
1166	TACATCCGAAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.21321	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564E1363 (from clone DKFZp564E1363)
1167	GCGAACCCCCC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.211862	EST
1168	CCCTCACTCCT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.21143	(Manual assignment) MEMOREC PSL4 presenilin-like protein, primary tag
1169	TGCAGGTGTGT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.20993	high-glucose- regulated protein 8
1170	GCTAACTTAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.20787	ESTs
1171	AAGTTTATAGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.206097	oncogene TC21
1172	AGACGCTTCTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.203772	FSHD region gene 1

1173	CCACTGCACGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.202669	thiopurine S-methyltransferase
1174	TAACCAAATAC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.201623	ESTs
1175	TATTCCTCCACC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.199316	ESTs
1176	TGACTGTATTA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.198241	amine oxidase, copper containing 3 (vascular adhesion protein 1)
1177	TTTTTCTTAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.197955	KIAA0704 protein
1178	CACTGCATATG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.196177	phosphorylase kinase, gamma 2 (testis)
1179	CCCTGAATGAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.19545	frizzled (Drosophila) homolog 4
1180	TTGGCCAAGAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.19522	hypothetical protein PRO2849
1181	TACAAAAGTGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.194662	calponin 3, acidic
1182	TGCTCAGTGGT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.194625	dynein, cytoplasmic, light intermediate polypeptide 2
1183	CCCCCAATTCT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.194534	vesicle-associated membrane protein 2 (synaptobrevin 2)
1184	TGAGCACATAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.194208	suc1-associated neurotrophic factor target 2 (FGFR signalling adaptor)
1185	TTCCAGCTGCT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.19121	adaptor-related protein complex 2, alpha 2 subunit
1186	CCACTCCACTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.190452	KIAA0365 gene product
1187	CAATTGTAAAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.18792	thioredoxin-like, 32kD
1188	AAGAACTAAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.18778	hypothetical protein
1189	GGGGTACCCCT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.187520	ESTs, Weakly similar to dJ353E16.2 [H.sapiens]
1190	CCCTGAATCCC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.184592	Human clone A9A2BRB5 (CAC) _n /(GTG) _n repeat-containing mRNA
1191	AAAACAGTGGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.184109	ribosomal protein L37a
1192	CAGCATCTAAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.184062	putative Rab5-interacting protein
1193	CCACTGTACTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.183475	Homo sapiens clone 25061 mRNA sequence
1194	CCTTGAAATCA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.183161	ESTs
1195	GCAGTCATACA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.182626	chromosome 22 open reading frame 5
1196	AAAGGTTGGTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.182423	ES1 (zebrafish) protein, human homolog of
1197	GCTCTGTTTCA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.18192	Ser/Arg-related

							nuclear matrix protein (plenty of prolines 101-like)
1198	GCTCAGGTCTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.181406	endothelin converting enzyme 1
1199	GTGAAAAAAAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.181373	accessory proteins BAP31/BAP29
1200	TGATGTGATAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.181159	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434F0217 (from clone DKFZp434F0217)
1201	TTTCTGTATGT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.180877	H3 histone, family 3B (H3.3B)
1202	AAATCAGGAAC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.180549	ESTs, Highly similar to R26660_1, partial CDS [H.sapiens]
1203	AGTTGAAATTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.180428	KIAA1181 protein
1204	AGTGCCTTGGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.178604	ESTs
1205	GCTTGGCTCCC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.175260	EST
1206	CACATCCTTAC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.173717	phosphatidic acid phosphatase type 2B
1207	ATAGAGGCAAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.173714	MORF-related gene X
1208	CCGTTCTGGAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.173638	Homo sapiens partial TCF-4 gene for T-cell transcription factor-4, exon 1 and joined CDS features
1209	TGCAGGGACCT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.173043	metastasis-associated 1-like 1
1210	GAAGGCTTATC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.172674	nuclear factor of activated T-cells, cytoplasmic 3
1211	AATGAGCAACT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.171862	guanylate binding protein 2, interferon-inducible
1212	TTTTGCTACAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.171545	HIV-1 Rev binding protein
1213	TAATTCTTCTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.1708	chaperonin containing TCP1, subunit 3 (gamma)
1214	TTCTAATTTTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.170414	paired basic amino acid cleaving system 4
1215	ATGATAATTAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.170142	ESTs
1216	TTCTTGCTTAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.169895	ubiquitin-conjugating enzyme E2L 6
1217	CGAGGGGGGGCG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.169875	thrombospondin 3
1218	CTCCTGTGGTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.169851	ESTs
1219	GATCTGTTTCT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.169743	Homo sapiens clone 25121 neuronal olfactomedin related ER localized protein mRNA sequence, complete cds

1220	AAGATTGGGGT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.169610	CD44 antigen (homing function and Indian blood group system)
1221	TAACCAAAAAC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.169241	ELK4, ETS-domain protein (SRF accessory protein 1)
1222	GATTCAACCAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.168213	ESTs
1223	TTCTGTGCATA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.16803	hypothetical protein FLJ10231
1224	CATAACCTTCC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.167460	splicing factor, arginine/serine-rich 3
1225	ATAAATAAATT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.16677	hypothetical protein FLJ10506
1226	GCTAGGTATTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.165986	testin
1227	CTTTGATTTAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.165590	ribosomal protein S13
1228	ACAGCCCTGAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.163593	ribosomal protein L18a
1229	GCTCACTGCAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.163385	EST
1230	TTGAATATTAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.161554	hypothetical protein FLJ20159
1231	GGGATGGCAGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.159637	valyl-tRNA synthetase 2
1232	AGCTGGGATGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.15898	peroxisomal 2,4-dienoyl-CoA reductase
1233	ATCGCATCACT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.158126	ESTs
1234	ACGCACATTAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.156007	Down syndrome critical region gene 1-like 1
1235	CCTCACTTTCT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.155560	calnexin
1236	AAGAAGGCAAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.155402	D site of albumin promoter (albumin D-box) binding protein
1237	GAATCATTTAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.154668	KIAA0391 gene product
1238	GACTCTGGAGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.154567	supervillin
1239	GGCCGCTGCTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.151531	protein phosphatase 3 (formerly 2B), catalytic subunit, beta isoform (calcineurin A beta)
1240	AACTCTGATAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.151046	hypothetical protein FLJ11193
1241	CTTCTCTTGAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.150557	basic transcription element binding protein 1
1242	CCCCTCCCCAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.150540	Homo sapiens chromosome 22q13 BAC clone CIT987SK-384D8 complete sequence
1243	TGAGGACACAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.14541	cullin 1
1244	ATGTCTTCGTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.144926	ESTs
1245	GTGCCTCGGAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.143046	Homo sapiens cDNA

							FLJ20418 fis, clone KAT02427
1246	CCTGCAGTCCC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.141746	ESTs
1247	TTGATAAATAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.139226	replication factor C (activator 1) 2 (40kD)
1248	CGCCTGTGGTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.138263	Homo sapiens clone 24528 mRNA sequence
1249	ACCTCACCTGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.137585	UDP glycosyltransferase 2 family, polypeptide B11
1250	GTGTCTGTCTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.137432	ESTs
1251	TTCAGTAATAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.13479	hypothetical protein FLJ20847
1252	CTTTAAGAAAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.13456	Homo sapiens clone 24747 mRNA sequence
1253	TAAAGTGTCTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.132875	Homo sapiens HSPC309 mRNA, partial cds
1254	GGCCTCTCCGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.132834	hematopoietic protein 1
1255	GCACCTTCTGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.132744	hypothetical protein
1256	CATTGAGCTCC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.12820	SnRNP assembly defective 1 homolog
1257	TCAATCAGTGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.127270	ESTs
1258	ACCTGCCCCCTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.125262	DKFZP586G1624 protein
1259	GCACCTTATTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.125078	ornithine decarboxylase antizyme 1
1260	ACAACATAGAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.12436	ESTs
1261	TGCTGCTTGAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.12152	APMCF1 protein
1262	TTATTGTTCCC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.12126	hepatocellular carcinoma-associated antigen 112
1263	GGTGATGAGGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.12107	putative breast adenocarcinoma marker (32kD)
1264	CTGAACTGTGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.121031	ESTs
1265	AACATAGGAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.119663	CD59 antigen p18-20 (antigen identified by monoclonal antibodies 16.3A5, EJ16, EJ30, EL32 and G344)
1266	CTGGTGAGTGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.11902	MYLE protein
1267	GCCTGGGAGAC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.118346	ESTs
1268	AGCTGAGCTAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.118243	deoxyribonuclease II, lysosomal
1269	CCGGACCTGTG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.117582	CGI-43 protein
1270	CGGAGCCGGCT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.117582	CGI-43 protein
1271	GAGAGGTGATT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.114062	protein tyrosine phosphatase-like (proline instead of catalytic arginine),

							member a
1272	AAGATCCTTGT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.113503	karyopherin (importin) beta 3
1273	AATGAACAATA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.11342	ninjurin 1
1274	TTGGTCAGGTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.113111	Homo sapiens familial Mediterranean fever locus region, mRNA sequence
1275	GA CTCTGGGAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.11282	ESTs, Weakly similar to cleft lip and palate transmembrane protein 1 [H.sapiens]
1276	TACACGTGAGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.11156	hypothetical protein
1277	AGCACTGCAGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.111039	N-myristoyltransferase 1
1278	AACTCCCAGTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.110571	growth arrest and DNA-damage-inducible, beta
1279	GCATAATGTTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.11050	F-box only protein 9
1280	CCCAGGACACC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.110443	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp761O051 (from clone DKFZp761O051)
1281	AAAGGAAAGTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.109706	HN1 protein
1282	AATAAATGGAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.109052	chromosome 14 open reading frame 2
1283	ACCAACACGGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.109005	ESTs
1284	CTTCCGGGTAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.108924	DKFZP586P1422 protein
1285	GGAGTCCTAGC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.108894	hypothetical protein FLJ20411
1286	CTTCTGTCTCC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.108824	ESTs, Weakly similar to cDNA EST yk415c12.5 comes from this gene [C.elegans]
1287	TTTAGGGGGAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.108319	thyroid hormone receptor-associated protein, 150 kDa subunit
1288	TGTAGCTGCAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.107882	hypothetical protein FLJ10659
1289	TGAAACTTTTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.107528	androgen induced protein
1290	TTACAGAGCTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.10590	zinc finger protein 313
1291	TCCTTTAAAAT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.10587	KIAA0353 protein
1292	GGAAC TTGGCT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.105613	ESTs
1293	GAGAACCGTAG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.105547	neural proliferation, differentiation and control, 1
1294	TCATCTGCAAA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.105189	ESTs, Weakly similar to AF148856_2 unknown [H.sapiens]

1295	CATAATTCTC	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.104660	eIF-5A2 protein
1296	CAATCTTGTGA	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.104353	ESTs
1297	TTTCCTTCCTT	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.104143	clathrin, light poly-peptide (Lca)
1298	AGACAGAGTGG	2,08	0,00	2,08	0,65	Hs.103833	ESTs, Weakly similar to AF151869_1 CGI-111 protein [H.sapiens]
1299	TGGGGAGAGGA	5,21	10,58	2,03	1,10	Hs.75799	protease, serine, 8 (prostasin)
1300	CCACCACGCTT	5,21	10,58	2,03	1,10	Hs.285275	ESTs
1301	TGCCTGTGGTC	5,21	10,58	2,03	1,10	Hs.277100	ESTs
1302	ATGGCAGGTGC	5,21	10,58	2,03	1,10	Hs.236479	EST
1303	AAGTTGCTATT	15,62	7,70	2,03	1,38	Hs.78575	prosaposin (variant Gaucher disease and variant metachromatic leukodystrophy)
1304	AGCCACTGCAC	15,62	7,70	2,03	1,38	Hs.122126	ESTs
1305	GCAAAAAAAAAA	6,25	12,51	2,00	1,19	Hs.76293	thymosin, beta 10
1306	GTGGCACGCGC	6,25	12,51	2,00	1,19	Hs.187346	ESTs

Tabelle 5:

Nr.	Tag-Sequenz	Jung	Alt	Quotient	Signifikanz	Annotation	Beschreibung
1307	TCTCCATACCC	175,94	0,00	175,94	53,84	manual	Mitochondrial polymorphic tag, pos:4216
1308	ATGAAACTTCG	63,50	0,96	66,15	17,94	manual	Mitochondrial minor tag, pos:14832
1309	CACTACTCACC	2,08	79,85	38,39	20,69	manual	Mitochondrial major tag, pos:14902
1310	ACCCTTGGCCA	10,41	109,67	10,54	21,39	manual	Mitochondrial major tag, pos:3839
1311	AAACATCCTAT	1,04	4,81	4,63	0,98	manual	Mitochondrial minor tag, pos:7249
1312	GTAGGGGTAAA	4,16	0,00	4,16	1,29	manual	Mitochondrial antisense tag, pos:-6282
1313	TTGGAACAATG	0,00	3,85	3,85	1,15	manual	rRNA major tag
1314	ACCCGCCGGGC	1,04	3,85	3,70	0,77	manual	rRNA major tag
1315	TGGCGTACGGA	1,04	3,85	3,70	0,77	manual	rRNA major tag
1316	CCGACGGGCGC	4,16	15,39	3,70	2,15	manual	rRNA intermediate tag
1317	GGTCAGTCGGT	6,25	1,92	3,26	1,05	manual	rRNA major tag
1318	TGCCTAGACCA	3,12	0,96	3,25	0,66	manual	Mitochondrial minor tag, pos:12498
1319	AGCTGTCCCCA	0,00	2,89	2,89	0,87	manual	Mitochondrial minor tag, pos:8070
1320	ATGGCAGGAGT	0,00	2,89	2,89	0,87	manual	Mitochondrial antisense tag, pos:-12728
1321	TGAGAAGAAGC	0,00	2,89	2,89	0,87	manual	Mitochondrial antisense tag, pos:-11703
1322	CATTTGGTATT	8,33	2,89	2,88	1,20	manual	Mitochondrial minor tag, pos:44
1323	TACTGCTCGGA	1,04	2,89	2,78	0,59	manual	Mitochondrial antisense tag, pos:-13715
1324	GCTAGGTTTAT	2,08	5,77	2,77	0,91	manual	Mitochondrial antisense tag, pos:-7732
1325	TGGTGTATGCA	5,21	1,92	2,71	0,86	manual	Mitochondrial antisense tag, pos:-9318
1326	AATGGATGAAC	5,21	12,51	2,40	1,37	manual	rRNA intermediate tag
1327	GTAATCCTGCT	27,07	61,57	2,27	4,03	manual	rRNA major tag
1328	TTGCTCAGGCT	2,08	0,96	2,17	0,46	manual	rRNA intermediate tag, Alu
1329	GAAGTCGGAAT	3,12	6,73	2,16	0,88	manual	rRNA major tag
1330	AGAATCGCTTG	22,90	48,10	2,10	2,98	manual	Alu-repeat
1331	CATTTGTAATA	4,16	8,66	2,08	1,00	manual	Mitochondrial intermediate tag, pos:6084

1332	CTTACAAGCAA	2,08	0,00	2,08	0,65	manual	Mitochondrial minor tag, pos:16193
1333	TTACTTATACT	2,08	0,00	2,08	0,65	manual	Mitochondrial antisense tag, pos:-14253
1334	GGGGTCAGGGG	5,21	10,58	2,03	1,10	manual	Mitochondrial antisense tag, pos:-2138
1335	AAAACATTCTC	18,74	37,52	2,00	2,34	manual	Mitochondrial major tag, pos:2314

Tabelle 7:

Nr.	Tag-Sequenz	Jung	Alt	Quotient	Unigene Nr. (NCBI)	Beschreibung
1336	TGTGCCAGTGT	1,04	11,54	11,10	331555	Homo sapiens serine protease inhibitor, Kazal type, 5 (SPINK5), mRNA
1337	CATCTGCTGAT	8,33	0	8,33	28338	Homo sapiens mRNA for KIAA1546 protein, partial cds
1338	TTCCCCCTTCC	7,29	0,96	7,59	332967	nx11f05.s1 Homo sapiens cDNA, 3' end
1339	CGGCTTTTCTG	7,29	0,96	7,59	324648	Homo sapiens cDNA FLJ13700 fis, clone PLACE2000216, highly similar to SPECTRIN BETA CHAIN, BRAIN
1340	CGCCGGGAGCT	1,04	7,7	7,40	61460	Homo sapiens cDNA FLJ14847 fis, clone PLACE1000401, weakly similar to POLIOVIRUS RECEPTOR PRECURSOR
1341	CTGTGGGAAAC	0	6,73	6,73	225997	"Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp564C0962 (from clone DKFZp564C0962)"
1342	GCGTCGGTGCA	6,25	0,96	6,51	155597	Homo sapiens D component of complement (adipsin) (DF), mRNA
1343	GACCAGCTGGC	6,25	0,96	6,51	74120	Homo sapiens adipose specific 2 (APM2), mRNA
1344	GTGTGGTGGAG	0	5,77	5,77	177486	Homo sapiens amyloid beta (A4) precursor protein (protease nexin-II, Alzheimer disease) (APP), mRNA
1345	AAAGTCATTGA	5,21	0,96	5,43	77899	Homo sapiens tropomyosin 1 (alpha) (TPM1), mRNA
1346	ACCTGGAGGGG	3,12	16,35	5,24	135188	602625439F1 Homo sapiens cDNA, 5' end
1347	GGTAATCCGTT	5,21	0	5,21	30942	Homo sapiens ephrin-B2 (EFNB2), mRNA
1348	GTGGCGGGCTC	0	4,81	4,81	142634	Homo sapiens zinc finger protein (AF020591), mRNA
1349	CTGATCTCGAA	0	4,81	4,81	177932	ie10c08.y1 Homo sapiens cDNA, 5' end
1350	CTCGGTACATT	0	4,81	4,81	74316	Homo sapiens desmoplakin (DPI, DP11) (DSP), mRNA
1351	CAGCGGCGGGA	0	4,81	4,81	2420	Homo sapiens superoxide dismutase 3, extracellular (SOD3), mRNA
1352	TAGCTGCTGGT	1,04	4,81	4,63	11482	Homo sapiens splicing factor, arginine/serine-rich 11 (SFRS11), mRNA
1353	GTGGCACATTC	1,04	4,81	4,63	319567	Homo sapiens cDNA FLJ12130 fis, clone MAMMA1000251
1354	GTCAGTTCCTG	1,04	4,81	4,63	3796	Homo sapiens EphB6 (EPHB6) mRNA
1355	GGTGACAGAGA	4,16	0,96	4,33	324611	602370629F1 Homo sapiens cDNA, 5' end
1356	AAACTTTGCCT	4,16	0,96	4,33	194431	Homo sapiens palladin

						(KIAA0992), mRNA
1357	CAGCTCACTGA	4,16	17,32	4,16	738	Homo sapiens ribosomal protein L14 (RPL14), mRNA
1358	ATGACAGATGG	2,08	8,66	4,16	13775	Homo sapiens hypothetical protein SMAP31 (SMAP31), mRNA
1359	GCACTCTAGCC	4,16	0	4,16	306735	Homo sapiens cDNA: FLJ21297 fis, clone COL02035
1360	AAATGCTTGGA	4,16	0	4,16	252998	xl80g03.x1 Homo sapiens cDNA, 3' end
1361	CCTCTTTGCAT	5,21	21,17	4,06	707	Homo sapiens keratin 2A (epidermal ichthyosis bullosa of Siemens) (KRT2A), mRNA
1362	TGGTCCCAGCT	0	3,85	3,85	275481	ni38b03.s1 Homo sapiens cDNA, 3' end
1363	TGAAGGTGGTG	0	3,85	3,85	250528	Homo sapiens, clone IMAGE:4098694, mRNA
1364	TCAACTTGAAA	0	3,85	3,85	38891	602385216F1 Homo sapiens cDNA, 5' end
1365	GTTGTCATCAC	0	3,85	3,85	2633	Homo sapiens desmoglein 1 (DSG1), mRNA
1366	GTGGCGCACGT	0	3,85	3,85	249720	Homo sapiens cDNA, 3' end
1367	GCACCGTAAGA	0	3,85	3,85	168232	Homo sapiens hypothetical protein FLJ13855 (FLJ13855), mRNA
1368	GACCCGGGAGG	0	3,85	3,85	41974	Homo sapiens, clone IMAGE:4100953, mRNA
1369	CTGCGGAAGAT	0	3,85	3,85	99816	Homo sapiens beta-catenin-interacting protein ICAT (LOC56998), mRNA
1370	AACAGGCAAGA	0	3,85	3,85	73995	Human DNA sequence from clone RP1-14N1 on chromosome 1q21.1-21.3 Contains ESTs, GSSs and STSs. Contains the FLG gene for profilaggrin and part of a gene for a novel S-100/ICaBP type calcium binding domain protein similar to trichohyalin.n
1371	GGCCGCGAGGT	7,29	1,92	3,80	78344	Homo sapiens myosin, heavy polypeptide 11, smooth muscle (MYH11), transcript variant SM2, mRNA
1372	CTAACGCAGCA	7,29	1,92	3,80	78465	Homo sapiens v-jun avian sarcoma virus 17 oncogene homolog (JUN), mRNA
1373	TGGCCTCCCCG	1,04	3,85	3,70	159161	Homo sapiens Rho GDP dissociation inhibitor (GDI) alpha (ARHGDIA), mRNA
1374	GGAGAGAAAAG	1,04	3,85	3,70	158291	Human DNA sequence from clone RP1-233K16 on chromosome 1p36.21-36.33 Contains the gene KIAA0444, a putative chromodomain helicase DNA binding protein 3 (CHD3), the gene for potassium channel beta 2 subunit (KCNK2), two CpG island, ESTs, STSs and

						GSSs
1375	GGACTCTGCCC	1,04	3,85	3,70	225948	Homo sapiens small inducible cytokine subfamily A (Cys-Cys), member 27 (SCYA27), mRNA
1376	GACGGCGCAGG	1,04	3,85	3,70	73946	Homo sapiens endothelial cell growth factor 1 (platelet-derived) (ECGF1), mRNA
1377	ATGAGATCCTG	1,04	3,85	3,70	275741	nx39e06.s1 Homo sapiens cDNA, 3' end
1378	ACCTGGAGGGT	1,04	3,85	3,70	127723	"Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586J211 (from clone DKFZp586J211)"
1379	GTGGCACGTGA	3,12	0,96	3,25	147996	Homo sapiens protein kinase, X-linked (PRKX), mRNA
1380	GTAGCGGGCGC	3,12	0,96	3,25	323114	Homo sapiens cDNA FLJ13784 fis, clone PLACE4000593
1381	GGGCTGTTTGG	3,12	0,96	3,25	189658	Homo sapiens CGI-149 protein (LOC51652), mRNA
1382	GGCCTCTGAGC	3,12	0,96	3,25	69559	Novel human mRNA from chromosome 1, which has similarities to BAT2 genes
1383	GGCAGTGCCCA	3,12	0,96	3,25	110915	Homo sapiens interleukin 22 receptor (IL22R), mRNA
1384	GCAAGTGCCTG	3,12	0,96	3,25	202508	601649719F1 Homo sapiens cDNA, 5' end
1385	GCAAAGCCCTG	3,12	0,96	3,25	210509	EST371827 Homo sapiens cDNA
1386	GATCCCAACAT	3,12	0,96	3,25	25	Homo sapiens ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F1 complex, beta polypeptide (ATP5B)
1387	GAGAAACACCG	3,12	0,96	3,25	2479	602153463F1 Homo sapiens cDNA, 5' end
1388	GACGATGTATA	3,12	0,96	3,25	1837	Homo sapiens POU domain, class 3, transcription factor 1 (POU3F1), mRNA
1389	CAAGCATTCCC	3,12	0,96	3,25	131620	ov74g10.x1 Homo sapiens cDNA, 3' end
1390	ATGAAGAAGGA	3,12	0,96	3,25	2780	Homo sapiens jun D proto-oncogene (JUND), mRNA
1391	AGTAGCCGTGA	3,12	0,96	3,25	286360	601655325R1 Homo sapiens cDNA, 3' end
1392	ACTTGATAAAT	3,12	0,96	3,25	344484	tj56h03.x1 Homo sapiens cDNA, 3' end
1393	ACCCGCGAGGA	3,12	0,96	3,25	170294	Homo sapiens, clone IMAGE:3637796, mRNA, partial cds
1394	AACCAGGGAGG	3,12	0,96	3,25	265317	Homo sapiens hypothetical protein MGC2562 (MGC2562), mRNA
1395	TAACCAAATCA	3,12	0	3,12	145421	qf27h11.x5 Homo sapiens cDNA, 3' end /clone=IMAGE:1751301
1396	GTGGTGGTGCC	3,12	0	3,12	13197	603045818F1 Homo sapiens cDNA, 5' end
1397	GTGAAACTCAG	3,12	0	3,12	178485	Homo sapiens cDNA FLJ13919 fis, clone Y79AA1000410

1398	GGGCTCGGGGA	3,12	0	3,12	105927	"Homo sapiens stem cell growth factor; lymphocyte secreted C-type lectin (SCGF), mRNA"
1399	GCGGCGGGTGC	3,12	0	3,12	257719	he36a05.x1 Homo sapiens cDNA, 3' end
1400	GCAAAATTCTG	3,12	0	3,12	336728	nk76b08.s1 Homo sapiens cDNA, 3' end
1401	GAAGGAGGCAT	3,12	0	3,12	184771	Homo sapiens nuclear factor I/C (CCAAT-binding transcription factor) (NFIC), mRNA
1402	CTTTTAAGAAA	3,12	0	3,12	86043	Homo sapiens cDNA FLJ13558 fis, clone PLACE1007743
1403	CTCTACAGTGC	3,12	0	3,12	24322	Homo sapiens ATPase, H ⁺ transporting, lysosomal (vacuolar proton pump) 9kD (ATP6H), mRNA
1404	CGTTTTCTGAT	3,12	0	3,12	82911	Homo sapiens BM-008 mRNA, complete cds
1405	CCCCGGGCCTC	3,12	0	3,12	89901	Homo sapiens phosphodiesterase 4A, cAMP-specific (dunce (Drosophila)-homolog phosphodiesterase E2) (PDE4A), mRNA
1406	CCCCACCCGG	3,12	0	3,12	78482	Homo sapiens paralemmin (PALM), mRNA
1407	CCATCTTGAGG	3,12	0	3,12	110707	Homo sapiens H326 (H326), mRNA
1408	CAGACCGGTGC	3,12	0	3,12	118397	Homo sapiens AE-binding protein 1 (AEBP1), mRNA
1409	AGTAACAAGAT	3,12	0	3,12	118174	Homo sapiens tetratricopeptide repeat domain 3 (TTC3), mRNA
1410	AGCCTAGGAGT	3,12	0	3,12	37308	yq98e10.s1 Homo sapiens cDNA, 3' end
1411	AATTAACCTCCG	3,12	0	3,12	169517	Homo sapiens, Similar to aldehyde dehydrogenase 5, clone MGC:2230
1412	GCTTTATTTGT	28,11	9,62	2,92	288061	Homo sapiens actin, beta (ACTB), mRNA
1413	TTTATCTTTTA	0	2,89	2,89	303125	Homo sapiens p53-induced protein PIGPC1 (PIGPC1), mRNA
1414	TGTTCTTGAT	0	2,89	2,89	287423	Homo sapiens cDNA FLJ11556 fis, clone HEMBA1003079
1415	TGCGCTGGCCC	0	2,89	2,89	289019	Homo sapiens latent transforming growth factor beta binding protein 3 (LTBP3), mRNA
1416	TCGGAGCTGCT	0	2,89	2,89	1030	Homo sapiens ras inhibitor (RIN1), mRNA
1417	GTTTCCAATGC	0	2,89	2,89	57672	Homo sapiens leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 2 (LRRFIP2), mRNA
1418	GTTTCAGCTGTC	0	2,89	2,89	78902	Homo sapiens voltage-dependent anion channel 2 (VDAC2), mRNA
1419	GTGGTGCAAGC	0	2,89	2,89	306411	Homo sapiens cDNA FLJ20846

						fis, clone ADKA01802
1420	GTGGTGAGTAC	0	2,89	2,89	182999	yx41g11.s1 Homo sapiens cDNA, 3' end
1421	GTGAGCCCATT	0	2,89	2,89	74335	Homo sapiens heat shock 90kD protein 1, beta (HSPCB), mRNA
1422	GGCTATGCCAA	0	2,89	2,89	3688	Homo sapiens mRNA for cisplatin resistance-associated overexpressed protein, complete cds
1423	GGCAGCTGGCA	0	2,89	2,89	3487	Homo sapiens hypothetical protein FLJ10439 (FLJ10439), mRNA
1424	GGCAGACAATC	0	2,89	2,89	335880	601277672F1 Homo sapiens cDNA, 5' end
1425	GCTAAAAACAA	0	2,89	2,89	134590	oy67c11.x1 Homo sapiens cDNA, 3' end
1426	GCAGCTACGGC	0	2,89	2,89	80828	Homo sapiens keratin 1 (epidermolytic hyperkeratosis) (KRT1), mRNA
1427	GATCTTCTCGG	0	2,89	2,89	73995	Human profilaggrin mRNA, 3' end
1428	GAGGAGTCCAT	0	2,89	2,89	1432	Homo sapiens protein kinase C substrate 80K-H (PRKCSH), mRNA
1429	GACCACACACC	0	2,89	2,89	86950	qf57c11.x1 Homo sapiens cDNA, 3' end
1430	CGGTCATTCTC	0	2,89	2,89	154396	Homo sapiens cDNA: FLJ22282 fis, clone HRC03861
1431	CCTATGGTCCC	0	2,89	2,89	344536	cong1.P10.E3 Homo sapiens cDNA, 3' end
1432	CCTATAGTCTC	0	2,89	2,89	328052	ty52c06.x1 Homo sapiens cDNA, 3' end
1433	CCCTGTTGATA	0	2,89	2,89	151254	Homo sapiens kallikrein 7 (chymotryptic, stratum corneum) (KLK7), mRNA
1434	CCAGTGAATAG	0	2,89	2,89	146825	qb68e04.x1 Homo sapiens cDNA, 3' end
1435	CCACTGCACCA	0	2,89	2,89	257594	Homo sapiens mRNA for KIAA1364 protein, partial cds

Tabelle 6:

Nr.	Unigene Accession No(s)	SWISSPROT or TREMBL	EMBL/GENBANK	Beschreibung
1	Hs.279604			DESMIN: DESMIN
2	Hs.119571			COLLAGEN ALPHA1(III)
3	Hs.74649			COX6C: CYTOCHROME C OXIDASE POLYPEPTIDE VIC [PRECURSOR] EC 1.9.3.1
4	Hs.102948			ENIGMA
5	Hs.76941			NA K ATPASE B3: NA K ATPASE BETA3
6	Hs.183760			C3: (C3) COMPLEMENT C3 PRECURSOR
7	Hs.75748			PSMB1: (PSMB1 OR PSC5) PROTEASOME COMPONENT C5
8	Hs.198427			HK2: HEXOKINASE, TYPE II EC 2.7.1.1 HK II
9	Hs.170171			GLNA GLUTAMINE SYNTHETASE (EC 6.3.1.2) (GLUTAMATE AMMONIA LIGASE)
10	Hs.81328			IKBA: (NFKBIA OR NFKBI OR MAD3) I KAPPA B ALPHA, MAJOR HISTOCOMPATIBILITY COMPLEX ENHANCER BINDING
11	Hs.197345			G22P1: (G22P1) ATP DEPENDENT DNA HELICASE II, 70 KDA SUBUNIT (LUPUS KU AUTOANTIGEN PROTEIN P70) (KU70) (70 KDA SUBUNIT OF KU ANTIGEN) (THYROID LUPUS AUTOANTIGEN) (TLAA) (CTC BOX BINDING FACTOR 75 KDA SUBUNIT) (CTCBF) (CTC75).
12	Hs.155560			CANX: (CANX) CALNEXIN PRECURSOR (MAJOR HISTOCOMPATIBILITY COMPLEX CLASS I ANTIGEN BINDING PROTEIN P88) (P90) (IP90).
13	Hs.119222			HIP: (HIP OR ST13 OR P48) HSC70 INTERACTING PROTEIN (PROGESTERONE RECEPTOR ASSOCIATED P48 PROTEIN) (PUTATIVE TUMOR SUPPRESSOR ST13).
14	Hs.4055			ZF9: ZINC FINGER PROTEIN 9
15	Hs.179573			COLLAGEN ALPHA2 (I)
16	Hs.74077			PROTEASOME IOTA CHAIN (EC 3.4.99.46) (MACROPAIN IOTA CHAIN) (MULTICATALYTIC ENDOPEPTIDASE COMPLEX IOTA CHAIN) (27 KDA PROSOMAL PROTEIN) (PROS 27) (P27K). {GENE: PSMA6 OR PROS27}
17	Hs.83077			INTERLEUKIN 18
18	Hs.79387			PSMC5: (PSMC5 OR S8) 26S PROTEASOME REGULATORY ATPASE SUBUNIT 8 (P45) (TRIP1).
19	Hs.750			FBN1, FIBRILLIN 1 PRECURSOR
20	Hs.173125			CYP3: PEPTIDYL PROLYL CIS TRANS ISOMERASE, MITOCHONDRIAL [PRECURSOR] EC
21	Hs.131255			UQCRB: UBIQUINOL CYTOCHROME C

				REDUCTASE COMPLEX 14 KDA PROTEIN EC 1.10.2.2
22	Hs.75511			CTGF CONNECTIVE TISSUE GROWTH FACTOR PRECURSOR
23	Hs.75410			BIP: (HSPA5 OR GRP78) 78 KD GLUCOSE REGULATED PROTEIN PRECURSOR
24	Hs.75360			CBPH: CARBOXYPEPTIDASE H PRECURSOR (EC 3.4.17.10) (CPH) (CARBOXYPEPTIDASE E)(CPE) (ENKEPHALIN CONVERTASE) (PROHORMONE PROCESSINGCARBOXYPEPTIDASE)
25	Hs.6101			BMP6 BONE MORPHOGENETIC PROTEIN 6 PRECURSOR (BMP 6)
26	Hs.154103			LIM
27	Hs.110802			VWF VON WILLEBRAND FACTOR PRECURSOR
28	Hs.111301			MMP2, 72 KD TYPE IV COLLAGENASE PRECURSOR (EC 3.4.24.24) (72 KD GELATINASE)
29	Hs.172928			COLLAGEN ALPHA1(I)
30	Hs.78225			ANX1: ANNEXIN I (LIPOCORTIN I) (CALPACTIN II) (CHROMOBINDIN 9) (P35)(PHOSPHOLIPASE A2 INHIBITORY PROTEIN)
31	Hs.252189			RYODOCAN, RYUDOCAN CORE PROTEIN
32	Hs.241257			LTBP1, HSTGFB1B ORF FROM TGFB HUMAN
33	Hs.227751			GALECTIN 1: (L14, LGALS1 OR GBP) GALECTIN 1
34	Hs.111779			SPARC, SPARC PRECURSOR (SECRETED PROTEIN ACIDIC AND RICH IN CYSTEINE)
35	Hs.79368			EMP1: (EMP1 OR TMP OR B4B) EPITHELIAL MEMBRANE PROTEIN 1 (EMP 1) (TUMOR ASSOCIATED MEMBRANE PROTEIN) (CL 20) (B4B PROTEIN).
36	Hs.77508			GLUDP1: GLUTAMATE DEHYDROGENASE 1/2 [PRECURSOR] EC 1.4.1.3 GDH
37	Hs.74471			CXB1 GAP JUNCTION BETA 1 PROTEIN (CONNEXIN 32) (CX32) (GAP JUNCTION 28 KD LIVER PROTEIN)
38	Hs.23598			CREBBP: (CREBBP OR CBP) CREB BINDING PROTEIN.
39	Hs.184601			MPE16 INTEGRAL MEMBRANE PROTEIN E16
40	Hs.180532			HSP86 = HSP90 ALPHA HSPCA
41	Hs.149846			INTEGRIN BETA5
42	Hs.79732			FIBULIN1, HS2444 ORF FROM FBLD HUMAN
43	Hs.79070			CMYC: (MYC) MYC PROTO ONCOGENE PROTEIN (C MYC)
44	Hs.75847			ESTB2.2:
45	Hs.89761			ATP5D: ATP SYNTHASE DELTA CHAIN, MITOCHONDRIAL [PRECURSOR]
46	Hs.85289			CD34
47	Hs.83004			INTERLEUKIN 14
48	Hs.80475			POLR2J: (POLR2J) DNA DIRECTED RNA

				POLYMERASE II 13.3 KDA POLYPEPTIDE (EC 2.7.7.6) (RPB11).
49	Hs.73965			MRF1: SFRS10, SRFA, MYELIN REGULATORY FACTOR 1 (PROBABLY IDENTICAL TO SFRS2/SC 35)
50	Hs.199160			MLL: (MLL OR HRX OR ALL1 OR TRX1 OR HTRX) ZINC FINGER PROTEIN HRX (ALL 1) (TRITHORAX LIKE PROTEIN).
51	Hs.180714			COX6A1: CYTOCHROME C OXIDASE POLYPEPTIDE VIA LIVER [PRECURSOR] EC 1.9.3.1
52	Hs.155433			ATP5C1: (ATP5C1 OR ATP5C) ATP SYNTHASE GAMMA CHAIN,
53	Hs.75445			HEVIN (= SC1, ECM, HEVIN LIKE PROTEIN !?)
54	Hs.180532			HSP86 = HSP90 ALPHA HSPCA
55	Hs.83190			FAS: FATTY ACID SYNTHASE (EC 2.3.1.85) [INCLUDES: EC 2.3.1.38; EC 2.3.1.39; EC 2.3.1.41; EC 1.1.1.100; EC 4.2.1.61; EC 1.3.1.10; EC 3.1.2.14].
56	Hs.9589			PLIC 1: (PLIC 1 OR UBIQUILIN) UBIQUILIN
57	Hs.80986			ATP5G1: ATP SYNTHASE LIPID BINDING PROTEIN P1 PRECURSOR (EC 3.6.1.34) (ATPASE
58	Hs.78781			VEGB VASCULAR ENDOTHELIAL GROWTH FACTOR B PRECURSOR (VEGF B) (VEGF RELATED FACTOR)
59	Hs.78409			COLLAGEN ALPHA1(XVIII)
60	Hs.76753			CD105 / ENDOGLIN
61	Hs.75516			TYK2: (TYK2) NON RECEPTOR TYROSINE PROTEIN KINASE TYK2 (EC 2.7.1.112).
62	Hs.268571			APC1: APOLIPOPROTEIN C I PRECURSOR (APO C1)
63	Hs.23960			CYCLIN B1 G2/MITOTIC SPECIFIC CYCLIN B1 (CCNB1 OR CCNB)
64	Hs.211579			CD146 / CELL SURFACE GLYCOPROTEIN MUC18
65	Hs.197114			KIAA0324
66	Hs.181028			COX5A: CYTOCHROME C OXIDASE POLYPEPTIDE VA, MITOCHONDRIAL PRECURSOR (EC
67	Hs.148495			PSMD4: (PSMD4 OR MCB1) 26S PROTEASOME REGULATORY SUBUNIT S5A (AF) (ASF).
68	Hs.125359			CD90 / THY 1
69	Hs.1139			DBPA: DBPA_HUMAN (CSDA OR DBPA) DNA BINDING PROTEIN A (COLD SHOCK DOMAIN
70	Hs.111076			MDH2: MALATE DEHYDROGENASE, MITOCHONDRIAL [PRECURSOR] EC 1.1.1.37
71	Hs.106673			EIF3S6: (EIF3S6 OR INT6) EUKARYOTIC TRANSLATION INITIATION FACTOR 3 SUBUNIT 6 (EIF 3 P48) (MAMMARY TUMOR ASSOCIATED PROTEIN INT 6) (VIRAL INTEGMOUSEION SITE PROTEIN INT 6).

72	Hs.89649			EPOHY MI EPOXIDE HYDROXYLASE, MICROSOMAL (EPHX1)
73	Hs.88474			PGH1: PROSTAGLANDIN G/H SYNTHASE 1 PRECURSOR (EC 1.14.99.1) (CYCLOOXYGENASE 1) (COX 1) (PROSTAGLANDIN ENDOPEROXIDE SYNTHASE 1) (PROSTAGLANDIN H2SYNTHASE 1) (PGH SYNTHASE 1) (PGHS 1) (PHS 1)(PTGS1)
74	Hs.79172			ANT2: ADP,ATP CARRIER PROTEIN, FIBROBLAST ISOFORM ADP/ATP TRANSLOCASE 2
75	Hs.429			ATP5G3: ATP SYNTHASE LIPID BINDING PROTEIN P3 [PRECURSOR] EC 3.6.1.34 ATPASE
76	Hs.8867			CYR6 CYR61 PROTEIN PRECURSOR (GIG1 PROTEIN) (INSULIN LIKE GROWTH FACTOR BINDING PROTEIN 10)
77	Hs.861			MITOGEN ACTIVATED PROTEIN KINASE 3 (EC 2.7.1.) (EXTRACELLULAR SIGNAL REGULATED KINASE 1) (ERK1) (INSULIN STIMULATED MAP2 KINASE) (MAP KINASE 1) (MAPK 1) (P44 ERK1) (ERT2) (P44 MAPK) (MICROTUBULE ASSOCIATED PROTEIN 2 KINASE) (MAPK3 OR PRKM3 OR ERK1)
78	Hs.82112			CD121A / INTERLEUKIN 1 RECEPTOR, TYPE 1
79	Hs.80645			IRF1: INTERFERON REGULATORY FACTOR
80	Hs.75617			COLLAGEN ALPHA2(IV)
81	Hs.75608			X104
82	Hs.75428			SOD 1 CU ZN SUPEROXIDASE DISMUTASE (SOD 1) GENE
83	Hs.75334			EXT2: (EXT2) EXOSTOSIN 2 (PUTATIVE TUMOR SUPPRESSOR PROTEIN EXT2) (MULTIPLE EXOSTOSES PROTEIN 2).
84	Hs.46468			CKR6 C C CHEMOKINE RECEPTOR TYPE 6 (C C CKR 6) (CC CKR 6) (CCR 6) (LARC RECEPTOR) (GPR CY4) (GPCRY4) (CHEMOKINE RECEPTOR LIKE 3) (CKR L3) (DRY6)
85	Hs.245188			TIMP3, METALLOPROTEINASE INHIBITOR 3 PRECURSOR (TIMP 3) (TISSUE INHIBITOR OF METALLOPROTEINASES 3)
86	Hs.237356			CXCL12: SDF1_HUMAN (SDF1) STROMAL CELL DERIVED FACTOR 1 PRECURSOR (SDF 1) (PRE B CELL GROWTH STIMULATING FACTOR) (PBSF)
87	Hs.183			DUFF DUFFY ANTIGEN (FY GLYCOPROTEIN) (GLYCOPROTEIN D) (GPFY)
88	Hs.172180			KIAA0440
89	Hs.171825			DEC1: DEC1 (STRA13) (STRA14)
90	Hs.146428			COLLAGEN ALPHA1(V)
91	Hs.105700			FRPHE FRPHE
92	Hs.75736			APD: APOLIPOPROTEIN D PRECURSOR

				APOD
93	Hs.83551			MAGP1, HUMAN MICROFIBRIL ASSOCIATED GLYCOPROTEIN (MFAP2)
94	Hs.75431			FGG: (FGG) FIBRINOGEN GAMMA CHAIN PRECURSOR.
95	Hs.75356			TCF4: (TCF4 OR ITF2 OR SEF2)(IMMUNOGLOBULIN TRANSCRIPTION FACTOR 2) (ITF 2)
96	Hs.63236			SNCG OR BCSG1 SYU3 (GAMMA SYNUCLEIN) (PERSYN) (BREAST CANCER SPECIFIC GENE 1 PROTEIN)
97	Hs.25313			MSP58 NUCLEOLAR PROTEIN
98	Hs.167835			CAOP: ACYL COENZYME A OXIDASE, PEROXISOMAL (EC 1.3.3.6) (PALMITOYL COAOXIDASE) (AOX)
99	Hs.119475			CIRBP: (CIRBP OR CIRP OR A18HNRNP) COLD INDUCIBLE RNA BINDING PROTEIN (GLYCINE RICH RNA BINDING PROTEIN CIRP) (A18 HNRNP).
100	Hs.116577			MIC 1 HOMO SAPIENS MACROPHAGE INHIBITORY CYTOKINE 1 (MIC 1) MRNA
101	Hs.105097			TK1: (TK1) THYMIDINE KINASE, CYTOSOLIC (EC 2.7.1.21).
102	Hs.81097			COX8: CYTOCHROME C OXIDASE POLYPEPTIDE VIII LIVER/HEART [PRECURSOR] EC 1.9.3.1
103	Hs.75106			CLU: (CLU) CLUSTERIN PRECURSOR (COMPLEMENT ASSOCIATED PROTEIN SP 40,40) (COMPLEMENT CYTOLYSIS INHIBITOR) (CLI) (NA1 AND NA2) (APOLIPOPROTEIN J) (APO J) (TRPM 2).
104	Hs.83623			NR1I3: (NR1I3) ORPHAN NUCLEAR RECEPTOR NR1I3 (CONSTITUTIVE ANDROSTANE RECEPTOR) (CAR) (ORPHAN NUCLEAR RECEPTOR MB67).
105	Hs.76722			CEBPD: (NF IL6 BETA) CCAAT/ENHANCER BINDING PROTEIN DELTA
106	Hs.76136			TXN: (TXN OR TRDX OR TRX) THIOREDOXIN (ATL DERIVED FACTOR) (ADF) (SURFACE ASSOCIATED SULPHYDRYL PROTEIN) (SASP).
107	Hs.278614			LON: MITOCHONDRIAL LON PROTEASE HOMOLOG PRECURSOR (EC 3.4.21.)
108	Hs.278242			ALPHA TUBULIN
109	Hs.277401			BAZ2B2: (BAZ2B) BROMODOMAIN ADJACENT TO ZINC FINGER DOMAIN 2B KIAA0314
110	Hs.184161			EXT1: (EXT1) EXOSTOSIN 1 (PUTATIVE TUMOR SUPPRESSOR PROTEIN EXT1) (MULTIPLE EXOSTOSES PROTEIN 1).
111	Hs.182429			CABP1: (CABP1 OR ERP5) PROBABLE PROTEIN DISULFIDE ISOMERASE P5 PRECURSOR (EC 5.3.4.1).
112	Hs.173664			ERBB2: RECEPTOR PROTEIN TYROSINE KINASE ERBB 2
113	Hs.1244			CD9
114	Hs.79516			BASP1 MYRISTOYLATED PROTEINS

				ABUNDANT IN AXONAL TERMINI
115	Hs.169476			(GAPDH) GLYCERALDEHYDE 3 PHOSPHATE DEHYDROGENASE, LIVER (EC 1.2.1.12) (GAPD)
116	Hs.23582			M1S1: (M1S1 OR GA733 1 OR TROP2) PANCREATIC CARCINOMA MARKER PROTEIN GA733 1 PRECURSOR (CELL SURFACE GLYCOPROTEIN TROP 2).
117	Hs.195850			KRT5: (KRT5) KERATIN, TYPE II CYTOSKELETAL 5 (CYTOKERATIN 5) (K5) (CK 5) (58 KDA CYTOKERATIN)
118	Hs.15977			NDUFB9: NADH UBIQUINONE OXIDOREDUCTASE B22 SUBUNIT EC 1.6.5.3 EC 1.6.99.3
119	Hs.150580			SUI1KURZ: SUI1TRANSLATION INITIATION FACTOR
120	Hs.76307			DAN ZINC FINGER PROTEIN DAN (N03)
121	Hs.177486			APP ALZHEIMER PRECURSOR PROTEIN A4
122	Hs.57929			MEGF5 MRNA FOR MEGF5 SLIT 3
123	Hs.155101			ATPA ATP SYNTHASE ALPHA CHAIN, MITOCHONDRIAL PRECURSOR
124	Hs.8762			FKBP63: (FKBP63) FK506 BINDING PROTEIN (FRAGMENT) FKBP9.
125	Hs.848			FKBP4: (FKBP4) P59 PROTEIN (HSP BINDING IMMUNOPHILIN) (HBI) (POSSIBLE PEPTIDYL PROLYL CIS TRANS ISOMERASE) (EC 5.2.1.8) (PPIASE) (ROTAMASE) (FKBP52 PROTEIN) (52 KDA FK506 BINDING PROTEIN) (P52) (FKBP59) (HSP56).
126	Hs.54457			CD81/AAPA1
127	Hs.230			FIBROMODULIN
128	Hs.173902			PPP2R1A: (PPP2R1A) SERINE/THREONINE PROTEIN PHOSPHATASE 2A, 65 KDA REGULATORY SUBUNIT A, ALPHA ISOFORM (PP2A, SUBUNIT A, PR65 ALPHA ISOFORM) (PP2A, SUBUNIT A, R1 ALPHA ISOFORM) (MEDIUM TUMOR ANTIGEN ASSOCIATED 61 KDA PROTEIN)
129	Hs.9194			GBDR1: (GBDR1) PUTATIVE GLIALBLASTOMA CELL DIFFERENTIATION RELATED PROTEIN.
130	Hs.83469			NRF1: (NFE2L1 OR NRF1 OR TCF11 OR HBZ17) NFE2 RELATED FACTOR 1
131	Hs.82120			NR4A2: (NR4A2 OR NURR1 OR TINUR OR NOT) ORPHAN NUCLEAR RECEPTOR NURR1
132	Hs.77171			MCM5: (MCM5 OR CDC46) DNA REPLICATION LICENSING FACTOR MCM5 (CDC46 HOMOLOG) (P1 CDC46).
133	Hs.77054			BTG1: (BTG1) BTG1 PROTEIN (B CELL TRANSLOCATION GENE 1 PROTEIN).
134	Hs.76686			GPX1 GLUTATHIONE PEROXIDASE 1
135	Hs.69745			FDXR: NADPH:ADRENODOXIN OXIDOREDUCTASE [PRECURSOR] EC

				1.18.1.2 ADRENODOXIN
136	Hs.279554			PSMD13: (PSMD13) 26S PROTEASOME SUBUNIT S11 (P40.5)
137	Hs.239663			AFX1: (AFX1 OR AFX OR MLLT7) PUTATIVE FORK HEAD DOMAIN TRANSCRIPTION FACTOR AFX1
138	Hs.199067			ERBB3: ERBB 3 RECEPTOR PROTEIN TYROSINE KINASE PRECURSOR (EC 2.7.1.112) (TYROSINE KINASE TYPE CELL SURFACE RECEPTOR HER3)
139	Hs.182937			CYCLOPHILIN 1 PEPTIDYL PROLYL CIS TRANS ISOMERASE A (EC 5.2.1.8) (PPIASE) (ROTAMASE) (CYCLOPHILIN A) (CYCLOSPORIN A BINDING PROTEIN) (PPIA OR CYPA)
140	Hs.178658			RAD23B: (RAD23B) UV EXCISION REPAIR PROTEIN PROTEIN RAD23 HOMOLOG B (HHR23B) (XP C REPAIR COMPLEMENTING COMPLEX 58 KDA PROTEIN) (P58).
141	Hs.155543			PSMD7: (PSMD7 OR MOV34L) 26S PROTEASOME REGULATORY SUBUNIT S12 (MOV34 PROTEIN).
142	Hs.15071			CCT8: (CCT8 OR CCTQ) T COMPLEX PROTEIN 1, THETA SUBUNIT (TCP 1 THETA) (CCT THETA) (KIAA0002).
143	Hs.149923			XBP1: (XBP1 OR XBP2 OR TREB5) X BOX BINDING PROTEIN 1
144	Hs.142258			STAT3: (STAT3 OR APRF) SIGNAL TRANSDUCER AND ACTIVATOR OF TRANSCRIPTION 3 (ACUTE PHASE RESPONSE FACTOR)
145	Hs.129943			KIAA0545
146	Hs.12068			CACP: CARNITINE O ACETYLTRANSFERASE (EC 2.3.1.7) (CARNITINE ACETYLASE)(CAT) (FRAGMENT)
147	Hs.118174			TPRD: TETRATRICOPEPTIDREPEAT PROTEIN
148	Hs.11669			LAMININ ALPHA 5
149	Hs.1119			NR4A1: (NR4A1 OR HMR OR NAK1 OR GFRP1) ORPHAN NUCLEAR RECEPTOR HMR (EARLY RESPONSE PROTEIN NAK1) (TR3 ORPHAN RECEPTOR)
150	Hs.108809			CCT7: (CCT7 OR CCTH OR NIP7 1) T COMPLEX PROTEIN 1, ETA SUBUNIT (TCP 1 ETA) (CCT ETA) (HIV 1 NEF INTERACTING PROTEIN).
151	Hs.106070			CDKN1C: (CDKN1C OR KIP2) CYCLIN DEPENDENT KINASE INHIBITOR 1C (CYCLIN DEPENDENT KINASE INHIBITOR P57) (P57KIP2).
152	Hs.738			EGR1: (EGR1 OR ZNF225) EARLY GROWTH RESPONSE PROTEIN 1 (EGR 1) (KROX24) (ZIF268) (TRANSCRIPTION FACTOR ETR103) (ZINC FINGER PROTEIN 225) (AT225).

153	Hs.250723			FRAP: (FRAP) FKBP RAPAMYCIN ASSOCIATED PROTEIN (FRAP) (RAPAMYCIN TARGET)
154	Hs.226795			GSTP1 GLUTATHIONE S TRANSFERASE, PI FORM
155	Hs.82646			HSPF1: (HSPF1 OR DNAJ1 OR HDJ1) HEAT SHOCK 40 KDA PROTEIN 1 (HEAT SHOCK PROTEIN 40) (HSP40) (DNAJ PROTEIN HOMOLOG 1) (HDJ 1).
156	Hs.153179			FABE: FATTY ACID BINDING PROTEIN, EPIDERMAL (E FABP) (PSORIASIS ASSOCIATED FATTY ACID BINDING PROTEIN HOMOLOG) (PA FABP)(FABP5)
157	Hs.99936			KRT10: (KRT10) KERATIN, TYPE I CYTOSKELETAL 10 (CYTOKERATIN 10) (K10)
158	Hs.149609			CD49E/INTEGRIN ALPHA 5
159	Hs.9736			PSMD3: (PSMD3) 26S PROTEASOME REGULATORY SUBUNIT S3 (PROTEASOME SUBUNIT P58).
160	Hs.97203			CCL22: SY22_HUMAN (SCYA22 OR MDC OR A 152E5.1) SMALL INDUCIBLE CYTOKINE A22 PRECURSOR (MACROPHAGE DERIVED CHEMOKINE) (STIMULATED T CELL CHEMOTACTIC PROTEIN 1) (CC CHEMOKINE STCP 1)
161	Hs.89466			D3D2: 3,2 TRANS ENOYL COA ISOMERASE, MITOCHONDRIAL PRECURSOR (EC 5.3.3.8)(DODECENOYL COA DELTA ISOMERASE)
162	Hs.87539			ALDH8: (ALDH8) ALDEHYDE DEHYDROGENASE 8 (EC 1.2.1.5).
163	Hs.75424			ID1: (ID1 OR ID) DNA BINDING PROTEIN INHIBITOR ID 1 (ID)
164	Hs.75379			EAT1 (SLC1A3 OR EAAT1) EXCITATORY AMINO ACID TRANSPORTER 1 (SODIUM DEPENDENT GLUTAMATE/ASPARTATE TRANSPORTER 1) (GLIAL GLUTAMATE TRANSPORTER) (GLAST1)
165	Hs.75212			ODC1: (ODC1) ORNITHINE DECARBOXYLASE (EC 4.1.1.17) (ODC).
166	Hs.74631			CD147 / BASIGIN
167	Hs.74619			PSMD2: (PSMD2 OR TRAP2) 26S PROTEASOME REGULATORY SUBUNIT S2 (P97) (TUMOR NECROSIS FACTOR TYPE 1 RECEPTOR ASSOCIATED PROTEIN 2).
168	Hs.724			NR1D1: (NR1D1 OR THRAL OR EAR1 OR HREV) ORPHAN NUCLEAR RECEPTOR NR1D1 (V ERBA RELATED PROTEIN EAR 1) (REV ERBA ALPHA).
169	Hs.63290			2HPCL: 2 HYDROXYPHYTANOYL COA LYASE
170	Hs.6216			TID1: (TID1 OR TID 1) TUMOROUS IMAGINAL DISCS HOMOLOG PRECURSOR (HTID 1).
171	Hs.56874			CVHSP: (CVHSP) CARDIOVASCULAR

				HEAT SHOCK PROTEIN.
172	Hs.5566			CXB2 GAP JUNCTION BETA 2 PROTEIN (CONNEXIN 26) (CX26)
173	Hs.52081			KIAA0867: (KIAA0867) KIAA0867 PROTEIN
174	Hs.206097			RRAS2
175	Hs.19545			FZD4 FRIZZLED HOMOLOG 4 (TRANSMEMBRANE RECEPTOR)
176	Hs.182423			KNP I: ES1 PROTEIN HOMOLOG, MITOCHONDRIAL [PRECURSOR] PROTEIN KNP I GT335 HES1
177	Hs.181373			CDM: CDM PROTEIN (6C6 AG TUMOR ASSOCIATED ANTIGEN) (DXS1357E) BAP31
178	Hs.172674			NFATX4: (A 67A1.1) TRANSCRIPTION FACTOR NFATX4.
179	Hs.1708			CCT3: (CCT3 OR CCTG OR TRIC5) T COMPLEX PROTEIN 1, GAMMA SUBUNIT (TCP 1 GAMMA) (CCT GAMMA).
180	Hs.169610			CD44
181	Hs.156007			ZAKI4 THYROID HORMONE RESPONSIVE GENE ZAKI 4
182	Hs.155402			DBP: D BINDING PROTEIN (DBP)
183	Hs.13456			OASIS: (OASIS) OASIS PROTEIN, BZIP TRANSCRIPTION FACTOR
184	Hs.119663			CD59
185	Hs.111039			NMYRIST N MYRISTOYLTRANSFERASE 1 MRNA
186	Hs.78575			SGP1: SULFATED GLYCOPROTEIN 1, PROSAPOSIN
187	Hs.79432			FBN2, FIBRILLIN 2 PRECURSOR
188	Hs.118162			FN, FIBRONECTIN PRECURSOR (FN) (FRAGMENTS).
189	Hs.80828			Keratin 1
190			XM_008578	Keratin 14
191		X58531		LAMININ ALPHA 1
192	Hs.75279			LAMININ ALPHA 2 (MEROSIN)
193	Hs.83450			LAMININ ALPHA 3 (EPILIGRIN 170 KD SUBUNIT)
194	Hs.78672			LAMININ ALPHA 4
195	Hs.82124			LAMININ BETA 1
196	Hs.90291			LAMININ BETA 2
197	Hs.75517			LAMININ BETA 3
198	Hs.214982			LAMININ GAMMA 1
199	Hs.69954			LAMININ GAMMA 3 LAMC3
200	Hs.83169			MMP1, INTERSTITIAL COLLAGENASE
201	Hs.1695			MMP12, MACROPHAGE METALLOELASTASE PRECURSOR (MATRIX METALLOPROTEINASE 12)
202	Hs.99863			NELASTASE: NEUTROPHIL ELASTASE
203	Hs.62041			NIDOGEN, NIDOGEN PRECURSOR (ENTACTIN)
204	Hs.76152			PGS2, BONE PROTEOGLYCAN II PRECURSOR (PG S2) (DECORIN) (PG40)
205	Hs.177781			SOD2: SUPEROXIDE DISMUTASE [MN], MITOCHONDRIAL PRECURSOR (EC 1.15.1.1)

206	Hs.5831			TIMP1, METALLOPROTEINASE INHIBITOR 1 PRECURSOR (TIMP 1)
207	Hs.6441			TIMP2, METALLOPROTEINASE INHIBITOR 2 PRECURSOR (TIMP 2) (TISSUE INHIBITOR OF METALLOPROTEINASES 2)
208	Hs.190787			TIMP4
208		P12718		(ACTG2 OR ACTA3 OR ACTSG) ACTIN, GAMMA-ENTERIC SMOOTH MUSCLE (ALPHA-ACTIN 3).
209		P20290		(BTF3) TRANSCRIPTION FACTOR BTF3 (RNA POLYMERASE B TRANSCRIPTION FACTOR 3).
210		P40121		(CAPG OR MCP) MACROPHAGE CAPPING PROTEIN (ACTIN-REGULATORY PROTEIN CAP-G).
211		Q9UMW5		(CCAM) CEREBRAL CELL ADHESION MOLECULE (RELATED TO LYSINE OXIDASES).
212		P12277		(CKB OR CKBB) CREATINE KINASE, B CHAIN (EC 2.7.3.2) (B-CK).
213		P51911		(CNN1) CALPONIN H1, SMOOTH MUSCLE (BASIC CALPONIN) (CALPONIN 1).
214		Q99439		(CNN2) CALPONIN H2, SMOOTH MUSCLE (NEUTRAL CALPONIN).
215		P21291		(CSRP1 OR CSRP OR CYRP) CYSTEINE-RICH PROTEIN 1 (CRP1) (CRP).
216		O00571		(DDX3 OR DBX) DEAD-BOX PROTEIN 3 (HELICASE-LIKE PROTEIN 2) (HLP2) (DEAD-BOX, X ISOFORM).
217			AL137555	unknown cDNA DKFZp434H0820 (from clone DKFZp434H0820).
218		Q08554		(DSC1) DESMOCOLLIN 1A/1B PRECURSOR (DESMOSOMAL GLYCOPROTEIN 2/3) (DG2/DG3).
219		Q15056		(EIF4H OR WBSCR1 OR WSCR1) EUKARYOTIC TRANSLATION INITIATION FACTOR 4H (EIF-4H) (KIAA0038).
220		O15197		(EPHB6) EPHRIN TYPE-B RECEPTOR 6 PRECURSOR (TYROSINE-PROTEIN KINASE-DEFECTIVE RECEPTOR EPH-6) (HEP).
221		P22607		(FGFR3 OR JTK4) FIBROBLAST GROWTH FACTOR RECEPTOR 3 PRECURSOR (FGFR-3) (EC 2.7.1.112).
222		P21333		(FLN1 OR FLN) ENDOTHELIAL ACTIN-BINDING PROTEIN (ABP-280) (NONMUSCLE FILAMIN) (FILAMIN 1).
223		P01100		(FOS) P55-C-FOS PROTO-ONCOGENE PROTEIN (CELLULAR ONCOGENE C-FOS) (G0S7 PROTEIN).
224		Q16186		(GP110) 110 KDA CELL MEMBRANE GLYCOPROTEIN.
225		P22352		(GPX3 OR GPXP) PLASMA GLUTATHIONE PEROXIDASE PRECURSOR (EC 1.11.1.9) (GSHPX-P).
226		O95819		(HGK) HPK/GCK-LIKE KINASE HGK.
227		O75166		(KIAA0679) KIAA0679 PROTEIN

				(FRAGMENT).
228		O94979		(KIAA0905) KIAA0905 PROTEIN (SEC31 PROTEIN).
229		Q9Y2J6		(KIAA0992) KIAA0992 PROTEIN (FRAGMENT).
230		P33176		(KIF5B OR KNS1 OR KNS) KINESIN HEAVY CHAIN (UBIQUITOUS KINESIN HEAVY CHAIN) (UKHC).
231		O00301		(KSRP) KSRP.
232		Q15012		(MTRP) GOLGI 4-TRANSMEMBRANE SPANNING TRANSPORTER MTP (KIAA0108).
233		P35749		(MYH11) MYOSIN HEAVY CHAIN, SMOOTH MUSCLE ISOFORM (SMMHC) (FRAGMENT).
234		Q15746		(MYLK OR MLCK) MYOSIN LIGHT CHAIN KINASE, SMOOTH MUSCLE AND NON-MUSCLE ISOZYMES (EC 2.7.1.117) (MLCK).
235		Q9UGL9		(NICE-1) NICE-1 PROTEIN.
236		P30086		(PEBP OR PBP) PHOSPHATIDYLETHANOLAMINE-BINDING PROTEIN (PEBP) (NEUROPOLYPEPTIDE H3).
237		P36955		(PEDF) PIGMENT EPITHELIUM-DERIVED FACTOR PRECURSOR (PEDF) (EPC-1).
238		P14786		(PKM2 OR PKM) PYRUVATE KINASE, M2 ISOZYME (EC 2.7.1.40).
239		P41222		(PTGDS OR PDS) PROSTAGLANDIN-H2 D-ISOMERASE PRECURSOR (EC 5.3.99.2) (PROSTAGLANDIN-D SYNTHASE) (GLUTATHIONE-INDEPENDENT PGD SYNTHETASE) (PROSTAGLANDIN D2 SYNTHASE) (PGD2 SYNTHASE) (PGDS2) (PGDS) (BETA-TRACE PROTEIN).
240			AL365373	hypothetical protein R33729_1
241		P39030		(RPL15) 60S RIBOSOMAL PROTEIN L15.
242		P31151		(S100A7 OR PSOR1) S100 CALCIUM-BINDING PROTEIN A7 (PSORIASIN).
243		O14778		(SARP1) SECRETED APOPTOSIS RELATED PROTEIN 1 (FRAGMENT).
244		P31947		(SFN OR HME1) 14-3-3 PROTEIN SIGMA (STRATIFIN) (EPITHELIAL CELL MARKER PROTEIN 1).
245		O75368		(SH3BGRL) SH3 DOMAIN BINDING GLUTAMIC ACID-RICH-LIKE PROTEIN.
246		P11166		(SLC2A1 OR GLUT1) GLUCOSE TRANSPORTER TYPE 1, ERYTHROCYTE/BRAIN.
247		P37108		(SRP14) SIGNAL RECOGNITION PARTICLE 14 KDA PROTEIN (SRP14) (18 KDA ALU RNA BINDING PROTEIN).
248		Q01995		(TAGLN OR SM22 OR WS3-10) TRANSGELIN (SMOOTH MUSCLE PROTEIN 22-ALPHA) (SM22-ALPHA) (WS3-10) (22 KDA ACTIN-BINDING PROTEIN).
249		P11387		(TOP1) DNA TOPOISOMERASE I (EC

				5.99.1.2).
250		P07951		(TPM2 OR TMSB) TROPOMYOSIN BETA CHAIN, SKELETAL MUSCLE.
251		P07919		(UQCRH) UBIQUINOL-CYTOCHROME C REDUCTASE COMPLEX 11 KDA PROTEIN PRECURSOR (EC 1.10.2.2) (MITOCHONDRIAL HINGE PROTEIN) (CYTOCHROME C1, NONHEME 11 KDA PROTEIN) (COMPLEX III SUBUNIT VIII).
252		P15311		(VIL2) EZRIN (P81) (CYTOVILLIN) (VILLIN-2).
253		P31946		(YWHAB) 14-3-3 PROTEIN BETA/ALPHA (PROTEIN KINASE C INHIBITOR PROTEIN-1) (KCIP-1) (PROTEIN 1054).

Tabelle 8:

Nr.:	UniGene Accession Nr.	SWISSPROT oder TREMBL	Name des Gens / Beschreibung
1			- ESTB2.2: PTD014 (C15ORF3).
2	Hs.63290	Q9UJ83	2HPCL: 2-HYDROXYPHYTANOYL-COA LYASE.
3	Hs.195851	P03996	ACTA2: (ACTA2 OR ACTSA OR ACTVS) AORTIC SMOOTH MUSCLE (ALPHA-ACTIN 2).
4	Hs.239663	Q13720	AFX1: (AFX1 OR AFX OR MLLT7) PUTATIVE FORK HEAD DOMAIN TRANSCRIPTION FACTOR AFX1.
5	Hs.87539	P48448	ALDH8: (ALDH8) ALDEHYDE DEHYDROGENASE 8 (EC 1.2.1.5).
6	Hs.79172	P05141	ANT2: (SLC25A5 OR ANT2) ADP,ATP CARRIER PROTEIN, FIBROBLAST ISOFORM (ADP/ATP TRANSLOCASE 2) (ADENINE NUCLEOTIDE TRANSLOCATOR 2) (ANT 2).
7	Hs.78225	P04083	ANX1: (ANXA1 OR ANX1 OR LPC1) ANNEXIN I (LIPOCORTIN I) (CALPACTIN II) (CHROMOBINDIN 9) (P35)(PHOSPHOLIPASE A2 INHIBITORY PROTEIN).
8	Hs.182778	P02654	APC1: (APOC1) APOLIPOPROTEIN C-I PRECURSOR (APO-C1).
9	Hs.75736	P05090	APD: (APOD) APOLIPOPROTEIN D PRECURSOR.
10	Hs.177486	P05067	APP: (APP OR A4 OR CVAP OR AD1) ALZHEIMER'S DISEASE AMYLOID A4 PROTEIN PRECURSOR (PROTEASE NEXIN-II) (PN-II) (APPI) [CONTAINS: BETA-AMYLOID PROTEIN (BETA-APP) (A-BETA)].
11	Hs.155101	P25705	ATP5A1: (ATP5A1) ATP SYNTHASE ALPHA CHAIN, MITOCHONDRIAL PRECURSOR (EC 3.6.1.34).
12	Hs.155433	P36542	ATP5C1: (ATP5C1 OR ATP5C) ATP SYNTHASE GAMMA CHAIN, MITOCHONDRIAL PRECURSOR (EC 3.6.1.34).
13	Hs.80986	P05496	ATP5G1: (ATP5G1) ATP SYNTHASE LIPID-BINDING PROTEIN P1 PRECURSOR (EC 3.6.1.34) (ATPASE PROTEIN 9) (SUBUNIT C).
14	Hs.429	P48201	ATP5G3: (ATP5G3) ATP SYNTHASE LIPID-BINDING PROTEIN P3 PRECURSOR (EC 3.6.1.34) (ATPASE PROTEIN 9) (SUBUNIT C).
15	Hs.79516	P80723	BASP1: (BASP1 OR NAP22) BRAIN ACID SOLUBLE PROTEIN 1 (BASP1 PROTEIN) (NEURONAL AXONAL MEMBRANE PROTEIN NAP-22) (NEURONAL TISSUE-ENRICHED ACIDIC PROTEIN).
16	Hs.229405	Q9UIF9	BAZ2B2: (BAZ2B) BROMODOMAIN ADJACENT TO ZINC FINGER DOMAIN 2B KIAA0314
17	Hs.75410	P11021	BIP: (HSPA5 OR GRP78) 78 KDA GLUCOSE-REGULATED PROTEIN PRECURSOR (GRP 78) (IMMUNOGLOBULIN HEAVY CHAIN BINDING PROTEIN) (BIP).
18	Hs.6101	P22004	BMP6: (BMP6 OR BMP-6 OR VGR1) BONE MORPHOGENETIC PROTEIN 6 PRECURSOR (BMP 6).
19	Hs.74631	P35613	BSG: (BSG) BASIGIN PRECURSOR (LEUKOCYTE ACTIVATION ANTIGEN M6) (COLLAGENASE STIMULATORY FACTOR) (EXTRACELLULAR MATRIX METALLOPROTEINASE INDUCER) (EMMPRIN) (5F7) (CD147 ANTIGEN).
20	Hs.77054	P31607	BTG1: (BTG1) BTG1 PROTEIN (B-CELL TRANSLOCATION GENE 1 PROTEIN).
21		P01024	C3: (C3) COMPLEMENT C3 PRECURSOR .

22	Hs.12068	P43155	CACP: (CRAT OR CAT1) CARNITINE O-ACETYLTRANSFERASE (EC 2.3.1.7) (CARNITINE ACETYLASE) (CAT) (FRAGMENT).
23	Hs.155560	P27824	CANX: (CANX) CALNEXIN PRECURSOR (MAJOR HISTOCOMPATIBILITY COMPLEX CLASS I ANTIGEN-BINDING PROTEIN P88) (P90) (IP90).
24	Hs.167835	Q15067	CAOP: (ACOX1 OR ACOX) ACYL-COENZYME A OXIDASE 1, PEROXISOMAL (EC 1.3.3.6) (PALMITOYL-COA OXIDASE) (AOX) MUSPAOX.
25	Hs.75360	P16870	CBPH: (CPE) CARBOXYPEPTIDASE H PRECURSOR (EC 3.4.17.10) (CPH) (CARBOXYPEPTIDASE E) (CPE) (ENKEPHALIN CONVERTASE) (PROHORMONE PROCESSING CARBOXYPEPTIDASE).
26	Hs.340	P13500	CCL2_HUMAN: (SCYA2 OR MCP1) SMALL INDUCIBLE CYTOKINE A2 PRECURSOR (MONOCYTE CHEMOTACTIC PROTEIN 1) (MCP-1) (MONOCYTE CHEMOATTRACTANT PROTEIN-1) (MONOCYTE CHEMOTACTIC AND ACTIVATING FACTOR) (MCAF) (MONOCYTE SECRETORY PROTEIN JE) (HC11).
27	Hs.97203	O00626	CCL22: (SCYA22 OR MDC OR A-152E5.1) SMALL INDUCIBLE CYTOKINE A22 PRECURSOR (MACROPHAGE-DERIVED CHEMOKINE) (STIMULATED T CELL CHEMOTACTIC PROTEIN 1) (CC CHEMOKINE STCP-1).
28	Hs.46468	P51684	CCR6: (CCR6 OR CMKBR6 OR STRL22 OR GPR29 OR CKRL3) C-C CHEMOKINE RECEPTOR TYPE 6 (C-C CKR-6) (CC-CKR-6) (CCR-6) (LARC RECEPTOR) (GPR-CY4) (GPRCY4) (CHEMOKINE RECEPTOR-LIKE 3) (CKR-L3) (DRY6).
29	Hs.1708	P49368	CCT3: (CCT3 OR CCTG OR TRIC5) T-COMPLEX PROTEIN 1, GAMMA SUBUNIT (TCP-1-GAMMA) (CCT-GAMMA).
30	Hs.108809	Q99832	CCT7: (CCT7 OR CCTH OR NIP7-1) T-COMPLEX PROTEIN 1, ETA SUBUNIT (TCP-1-ETA) (CCT-ETA) (HIV-1 NEF INTERACTING PROTEIN).
31	Hs.15071	P50990	CCT8: (CCT8 OR CCTQ) T-COMPLEX PROTEIN 1, THETA SUBUNIT (TCP-1-THETA) (CCT-THETA) (KIAA0002).
32	Hs.85289	P28906	CD34: (CD34) HEMATOPOIETIC PROGENITOR CELL ANTIGEN CD34 PRECURSOR.
33	Hs.169610	P16070	CD44_EX10-12: (CD44 OR LHR) CD44 ANTIGEN PRECURSOR (PHAGOCYTIC GLYCOPROTEIN I)(PGP-1)(HUTCH-I)(EXTRACELLULAR MATRIX RECEPTOR-III)(GP90 LYMPHOCYTE HOMING/ADHESION RECEPTOR)(HERMES ANTIGEN)(HYALURONATE RECEPTOR)(HEPARAN SULFATE PROTEOGLYCAN)(EPICAN).
34	Hs.170121	P08575	CD45_EX29-31: (PTPRC OR CD45) LEUKOCYTE COMMON ANTIGEN PRECURSOR (EC 3.1.3.48) (L-CA) (CD45 ANTIGEN) (T200).
35	Hs.119663	P13987	CD59: (CD59) CD59 GLYCOPROTEIN PRECURSOR (MEMBRANE ATTACK COMPLEX INHIBITION FACTOR) (MACIF) (MAC-INHIBITORY PROTEIN) (MAC-IP) (MEM43 ANTIGEN) (PROTECTIN) (MEMBRANE INHIBITOR OF REACTIVE LYSIS) (MIRL) (HRF-20) (1F5 ANTIGEN).
36	Hs.54457	P18582	CD81: (CD81 OR TAPA1) CD81 ANTIGEN (26 KDA CELL SURFACE PROTEIN TAPA-1).
37	Hs.1244	P21926	CD9: (CD9 OR MIC3) CD9 ANTIGEN (P24) (LEUKOCYTE

			ANTIGEN MIC3) (MOTILITY-RELATED PROTEIN) (MRP-1).
38	Hs.106070	P49918	CDKN1C: (CDKN1C OR KIP2) CYCLIN-DEPENDENT KINASE INHIBITOR 1C (CYCLIN-DEPENDENT KINASE INHIBITOR P57) (P57KIP2).
39	Hs.181373	P51572	CDM: (BCAP31 OR BAP31) B-CELL RECEPTOR-ASSOCIATED PROTEIN 31 (CDM PROTEIN) (6C6-AG TUMOR-ASSOCIATED ANTIGEN) (DXS1357E).
40	Hs.119475	Q14011	CIRBP: (CIRBP OR CIRP OR A18HNRNP) COLD-INDUCIBLE RNA-BINDING PROTEIN (GLYCINE-RICH RNA-BINDING PROTEIN CIRP) (A18 HNRNP).
41	Hs.79070	P01107	CMYC: (MYC) MYC PROTO-ONCOGENE PROTEIN (C-MYC).
42	Hs.78409	P39060	COL18A1_2: (COL18A1) COLLAGEN ALPHA 1(XVIII) CHAIN [CONTAINS: ENDOSTATIN].
43	Hs.172928	P02452	COL1A1: (COL1A1) COLLAGEN ALPHA 1(I) CHAIN PRECURSOR.
44	Hs.179573	P08123	COL1A2: (COL1A2) COLLAGEN ALPHA 2(I) CHAIN PRECURSOR.
45	Hs.119571	P02461	COL3A1: (COL3A1) COLLAGEN ALPHA 1(III) CHAIN PRECURSOR.
46	Hs.75617	P08572	COL4A2: (COL4A2) COLLAGEN ALPHA 2(IV) CHAIN PRECURSOR.
47	Hs.146428	P20908	COL5A1: (COL5A1) PRO-ALPHA-1 TYPE V COLLAGEN.
48	Hs.181028	P20674	COX5A: (COX5A) CYTOCHROME C OXIDASE POLYPEPTIDE VA, MITOCHONDRIAL PRECURSOR (EC 1.9.3.1).
49	Hs.180714	P12074	COX6A1: (COX6A1 OR COX6AL) CYTOCHROME C OXIDASE POLYPEPTIDE VIA-LIVER PRECURSOR (EC 1.9.3.1).
50	Hs.74649	P09669	COX6C: (COX6C) CYTOCHROME C OXIDASE POLYPEPTIDE VIC PRECURSOR (EC 1.9.3.1).
51	Hs.23598	Q92793	CREBBP: (CREBBP OR CBP) CREB-BINDING PROTEIN.
52	Hs.75511	P29279	CTGF: (CTGF) CONNECTIVE TISSUE GROWTH FACTOR PRECURSOR.
53	Hs.56874	Q9UBY9	CVHSP: (CVHSP) CARDIOVASCULAR HEAT SHOCK PROTEIN.
54	Hs.237356	P48061	CXCL12: (SDF1) STROMAL CELL-DERIVED FACTOR 1 PRECURSOR (SDF-1) (PRE-B CELL GROWTH STIMULATING FACTOR) (PBSF)
55	Hs.182937	P05092	CYPA: (PPIA OR CYPA) CYCLOPHILIN 1 PEPTIDYL-PROLYL CIS-TRANS ISOMERASE A (EC 5.2.1.8) (PPIASE) (ROTAMASE) (CYCLOPHILIN A) (CYCLOSPORIN A-BINDING PROTEIN).
56	Hs.8867	O00622	CYR61: (CYR61 OR IGFBP10 OR GIG1) CYR61 PROTEIN PRECURSOR (GIG1 PROTEIN) (INSULIN-LIKE GROWTH FACTOR- BINDING PROTEIN 10).
57	Hs.89466	P42126	D3D2: (DCI) 3,2-TRANS-ENOYL-COA ISOMERASE, MITOCHONDRIAL PRECURSOR (EC 5.3.3.8) (DODECENOYL-COA DELTA-ISOMERASE).
58	Hs.155402	Q10586	DBP: (DBP) D-SITE-BINDING PROTEIN (ALBUMIN D BOX-BINDING PROTEIN) (TAXREB302).
59	Hs.1139	P16989	DBPA: (CSDA OR DBPA) DNA-BINDING PROTEIN A (COLD SHOCK DOMAIN
60	Hs.171825	O14503	DEC1: (BHLHB2 OR SHARP-2 OR STRA14) STIMULATED BY RETINOIC ACID 14 (BASIC-HELIX-LOOP-HELIX PROTEIN) (FRAGMENT) STRA13 (SHARP-2) ENHANCER-OF-SPLIT AND HAIRY-RELATED PROTEIN

			2.
61		P43003	EAAT1: (SLC1A3 OR EAAT1) EXCITATORY AMINO ACID TRANSPORTER 1 (SODIUM-DEPENDENT GLUTAMATE/ASPARTATE TRANSPORTER 1) (GLIAL GLUTAMATE TRANSPORTER) (GLAST1)
62	Hs.738	P18146	EGR1: (EGR1 OR ZNF225) EARLY GROWTH RESPONSE PROTEIN 1 (EGR-1) (KROX-24 PROTEIN) (ZIF268) (NERVE GROWTH FACTOR-INDUCED PROTEIN A) (NGFI-A) (TRANSCRIPTION FACTOR ETR103) (ZINC FINGER PROTEIN 225) (AT225).
63	Hs.106673	Q64252	EIF3S6: (EIF3S6 OR INT6) EUKARYOTIC TRANSLATION INITIATION FACTOR 3 SUBUNIT 6 (EIF-3 P48) (MAMMARY TUMOR-ASSOCIATED PROTEIN INT-6) (VIRAL INTEGRATION SITE PROTEIN INT-6).
64		P54849	EMP1: (EMP1 OR TMP OR B4B) EPITHELIAL MEMBRANE PROTEIN-1 (EMP-1) (TUMOR-ASSOCIATED MEMBRANE PROTEIN) (CL-20) (B4B PROTEIN).
65	Hs.76753	Q14248	ENG: (ENG OR END) ENDOGLIN PRECURSOR (CD105 ANTIGEN).
66	Hs.102948	Q14250	ENIGMA: ENIGMA PROTEIN (LIM-DOMAIN PROTEIN LMP-1).
67	Hs.89649	P07099	EPHX1: (EPHX1 OR EPHX OR EPOX) EPOXIDE HYDROLASE (EC 3.3.2.3) (MICROSOMAL EPOXIDE HYDROLASE) (EPOXIDE HYDRATASE).
68	Hs.173664	P04626	ERBB2: (ERBB2 OR HER2 OR NGL OR NEU) RECEPTOR PROTEIN-TYROSINE KINASE ERBB-2 PRECURSOR (EC 2.7.1.112) (P185ERBB2) (NEU PROTO-ONCOGENE) (C-ERBB-2) (TYROSINE KINASE-TYPE CELL SURFACE RECEPTOR HER2) (MLN 19).
69	Hs.199067	P21860	ERBB3: (ERBB3 OR HER3) ERBB-3 RECEPTOR PROTEIN-TYROSINE KINASE PRECURSOR (EC 2.7.1.112) (TYROSINE KINASE-TYPE CELL SURFACE RECEPTOR HER3).
70	Hs.182429	Q15084	ERP5: (CABP1 OR ERP5) PROBABLE PROTEIN DISULFIDE ISOMERASE P5 PRECURSOR (EC 5.3.4.1).
71	Hs.75334	Q93063	EXT2: (EXT2) EXOSTOSIN-2 (PUTATIVE TUMOR SUPPRESSOR PROTEIN EXT2) (MULTIPLE EXOSTOSES PROTEIN 2).
72	Hs.153179	Q01469	FABE: (FABP5) FATTY ACID-BINDING PROTEIN, EPIDERMAL (E-FABP) (PSORIASIS-ASSOCIATED FATTY ACID-BINDING PROTEIN HOMOLOG) (PA-FABP).
73	Hs.83190	P49327	"FAS: (FASN OR FAS) FATTY ACID SYNTHASE (EC 2.3.1.85) [INCLUDES: EC 2.3.1.38; EC 2.3.1.39; EC 2.3.1.41; EC 1.1.1.100; EC 4.2.1.61; EC 1.3.1.10; EC 3.1.2.14]."
74	Hs.69745	P22570	FDXR: (FDXR OR ADXR) NADPH:ADRENODOXIN OXIDOREDUCTASE PRECURSOR (EC 1.18.1.2) (ADRENODOXIN REDUCTASE) (FERREDOXIN-NADP(+) REDUCTASE).
75	Hs.75431	P04469	FGG: (FGG) FIBRINOGEN GAMMA CHAIN PRECURSOR.
76	Hs.750	P35555	FIBRILLIN1: (FBN1 OR FBN) FIBRILLIN 1 PRECURSOR.
77	Hs.79432	P35556	FIBRILLIN2: (FBN2) FIBRILLIN 2 PRECURSOR.
78	Hs.230	Q06828	FIBROMODULIN: (FMOD OR FM) FIBROMODULIN PRECURSOR (FM) (COLLAGEN-BINDING 59 KDA PROTEIN).
79	Hs.118162	P02751	FIBRONECTIN: (FN1 OR FN) FIBRONECTIN PRECURSOR (FN).
80	Hs.79732	P37888	FIBULIN1: (FBLN1) FIBULIN-1, ISOFORM D

			PRECURSOR.
81	Hs.848	Q02790	FKBP4: (FKBP4) P59 PROTEIN (HSP BINDING IMMUNOPHILIN) (HBI) (POSSIBLE PEPTIDYL-PROLYL CIS-TRANS ISOMERASE) (EC 5.2.1.8) (PPIASE) (ROTAMASE) (FKBP52 PROTEIN) (52 KDA FK506 BINDING PROTEIN) (P52) (FKBP59) (HSP56).
82	Hs.8762	O95302	FKBP63: (FKBP9 OR FKBP63) FK506-BINDING PROTEIN (FRAGMENT) FKBP9.
83	Hs.155952	P42345	FRAP: (FRAP) FKBP-RAPAMYCIN ASSOCIATED PROTEIN (FRAP) (RAPAMYCIN TARGET PROTEIN).
84	Hs.105700	O14877	FRPHE_1: (SFRP4) SECRETED FRIZZLED-RELATED SEQUENCE PROTEIN 4 FRPHE FRPAP.
85	Hs.183	Q16570	FY: (FY OR GPD OR DARC) DUFFY ANTIGEN (FY GLYCOPROTEIN) (GLYCOPROTEIN D) (GPFY)
86	Hs.19545	Q9ULV1	FZD4: (FZD4) WNT RECEPTOR FRIZZLED-4.
87	Hs.197345	P12956	G22P1: (G22P1) ATP-DEPENDENT DNA HELICASE II, 70 KDA SUBUNIT (LUPUS KU AUTOANTIGEN PROTEIN P70) (KU70) (70 KDA SUBUNIT OF KU ANTIGEN) (THYROID-LUPUS AUTOANTIGEN) (TLAA) (CTC BOX BINDING FACTOR 75 KDA SUBUNIT) (CTCBF) (CTC75).
88	Hs.227751	P09382	GALECTIN-1: (LGALS1) GALECTIN-1 (BETA-GALACTOSIDE-BINDING LECTIN L-14-I) (LACTOSE-BINDING LECTIN 1) (S-LAC LECTIN 1) (GALAPTIN) (14 KDA LECTIN) (HPL) (HBL).
89	Hs.169476	P04406	GAPD: (GAPD) (GAPDH) GLYCERALDEHYDE 3-PHOSPHATE DEHYDROGENASE, LIVER (EC 1.2.1.12).
90	Hs.9194	Q9UMW7	GBDR1: (GBDR1) PUTATIVE GLIALBLASTOMA CELL DIFFERENTIATION-RELATED PROTEIN.
91	Hs.74471	P17302	GJA1_2: (GJA1) GAP JUNCTION ALPHA-1 PROTEIN (CONNEXIN 43) (CX43) (GAP JUNCTION 43 KDA HEART PROTEIN).
92		P29033	GJB2: (GJB2) GAP JUNCTION BETA-2 PROTEIN (CONNEXIN 26) (CX26)
93	Hs.77508	P49448	GLUDP1: (GLUD2 OR GLUDP1) GLUTAMATE DEHYDROGENASE 2 PRECURSOR (EC 1.4.1.3) (GDH).
94	Hs.170171	P15104	GLUL: (GLUL OR GLNS) GLUTAMINE SYNTHETASE (EC 6.3.1.2) (GLUTAMATE-AMMONIA LIGASE).
95	Hs.76686	P07203	GPX1: (GPX1) GLUTATHIONE PEROXIDASE (EC 1.11.1.9) (GSHPX-1) (CELLULAR GLUTATHIONE PEROXIDASE).
96	Hs.226795	P09211	GSTP1: (GSTP1 OR GST3) GLUTATHIONE S-TRANSFERASE P (EC 2.5.1.18) (GST CLASS-PI) (GSTP1-1).
97	Hs.75445	Q14515	HEVIN: (HEVIN) HIGH ENDOTHELIAL VENULE PRECURSOR. (MAST 9) HEVIN-LIKE PROTEIN.
98	Hs.119222	P50502	HIP: (HIP OR ST13 OR P48) HSC70-INTERACTING PROTEIN (PROGESTERONE RECEPTOR-ASSOCIATED P48 PROTEIN) (PUTATIVE TUMOR SUPPRESSOR ST13).
99	Hs.198427	P52789	HK2: (HK2) HEXOKINASE, TYPE II (EC 2.7.1.1) (HK II).
100	Hs.82314	P00492	HPRT: (HPRT1 OR HPRT) HYPOXANTHINE-GUANINE PHOSPHORIBOSYLTRANSFERASE (EC 2.4.2.8) (HGPRT) (HGPRTASE).
101	Hs.180414	P11142	HSC73: (HSPA8 OR HSPA10 OR HSC70 OR HSP73) HEAT SHOCK COGNATE 71 KD PROTEIN.
102	Hs.180532	P07900	HSPCA: (HSPCA OR HSPC1 OR HSP90A) HEAT SHOCK PROTEIN HSP 90-ALPHA (HSP 86).
103	Hs.82646	P25685	HSPF1: (HSPF1 OR DNAJ1 OR HDJ1) HEAT SHOCK 40 KDA PROTEIN 1 (HEAT SHOCK PROTEIN 40) (HSP40)

			(DNAJ PROTEIN HOMOLOG 1) (HDJ-1).
104	Hs.81328	P25963	IKBA: (NFKBIA OR NFKBI OR MAD3) MAJOR HISTOCOMPATIBILITY COMPLEX ENHANCER-BINDING PROTEIN MAD3 (NUCLEAR FACTOR KAPPA-B INHIBITOR) (I-KAPPA-B-ALPHA) (IKBA).
105	Hs.83004	P40222	IL14: (IL14) INTERLEUKIN-14 PRECURSOR (IL-14) (HIGH MOLECULAR WEIGHT B-CELL GROWTH FACTOR) (HMW-BCGF).
106	Hs.83077	Q14116	IL18: (IL18 OR IGIF) INTERLEUKIN-18 PRECURSOR (IL-18) (INTERFERON-GAMMA INDUCING FACTOR) (IFN-GAMMA-INDUCING FACTOR) (INTERLEUKIN-1 GAMMA) (IL-1 GAMMA).
107	Hs.1722	P01583	IL1A: (IL1A) INTERLEUKIN-1 ALPHA PRECURSOR (IL-1 ALPHA) (HEMATOPOIETIN-1).
108	Hs.126256	P01584	IL1B: (IL1B) INTERLEUKIN-1 BETA PRECURSOR (IL-1 BETA) (CATABOLIN).
109	Hs.82112	P14778	IL1R1: (IL1R1 OR IL1RA OR IL1R) INTERLEUKIN-1 RECEPTOR, TYPE I PRECURSOR (IL-1R-1) (IL-1R-ALPHA) (P80) (ANTIGEN CD121A).
110	Hs.93913	P05231	IL6: (IL6 OR IFNB2) INTERLEUKIN-6 PRECURSOR (IL-6) (B-CELL STIMULATORY FACTOR 2) (BSF-2) (INTERFERON BETA-2) (HYBRIDOMA GROWTH FACTOR).
111	Hs.624	P10145	IL8: (IL8) INTERLEUKIN-8 PRECURSOR (IL-8) (MONOCYTE-DERIVED NEUTROPHIL CHEMOTACTIC FACTOR) (MDNCF) (T-CELL CHEMOTACTIC FACTOR) (NEUTROPHIL-ACTIVATING PROTEIN 1) (NAP-1) (LYMPHOCYTE-DERIVED NEUTROPHIL-ACTIVATING FACTOR) (LYNAP) (PROTEIN 3-10C).
112	Hs.149846	P18084	INTEGRINB5: (ITGB5) INTEGRIN BETA-5 PRECURSOR.
113	Hs.149609	P08648	ITGA5: (ITGA5 OR FNRA) INTEGRIN ALPHA-5 PRECURSOR (FIBRONECTIN RECEPTOR ALPHA SUBUNIT) (INTEGRIN ALPHA-F) (VLA-5) (CD49E).
114	Hs.172180	O43166	KIAA0440: (KIAA0440) KIAA0440 (FRAGMENT). SPA-1 LIKE PROTEIN P1294. PUTATIVE GAP PROTEIN ALPHA. HIGH-RISK HUMAN PAPILLOMA VIRUSES E6 ONCOPROTEINS TARGETED PROTEIN E6TP1 BETA.
115	Hs.129943	O60292	KIAA0545: (KIAA0545) KIAA0545 PROTEIN (FRAGMENT).
116	Hs.52081	O94945	KIAA0867: (KIAA0867) KIAA0867 PROTEIN
117	Hs.182423	P30042	KNP-I: (C21ORF33 OR HES1 OR KNPI) ES1 PROTEIN HOMOLOG, MITOCHONDRIAL PRECURSOR (PROTEIN KNP-I) (GT335 PROTEIN).
118	Hs.80828	P04264	KRT1: (KRT1 OR KRTA) KERATIN, TYPE II CYTOSKELETAL 1 (CYTOKERATIN 1) (K1) (CK 1) (67 KDA CYTOKERATIN) (HAIR ALPHA PROTEIN).
119	Hs.99936	P13645	KRT10: (KRT10) KERATIN, TYPE I CYTOSKELETAL 10 (CYTOKERATIN 10) (K10) (CK 10).
120	Hs.117729	P02533	KRT14: (KRT14) KERATIN, TYPE I CYTOSKELETAL 14 (CYTOKERATIN 14) (K14) (CK 14).
121	Hs.195850	P13647	KRT5: (KRT5) KERATIN, TYPE II CYTOSKELETAL 5 (CYTOKERATIN 5) (K5) (CK 5) (58 KDA CYTOKERATIN).
122		P25391	LAMA1: (LAMA1 OR LAMA) LAMININ ALPHA-1 CHAIN PRECURSOR (LAMININ A CHAIN).
123	Hs.75279	Q14736	LAMA2: (LAMA2 OR LAMM) LAMININ ALPHA-2 CHAIN PRECURSOR (LAMININ M CHAIN) (MEROSIN HEAVY CHAIN).
124	Hs.83450	Q16787	LAMA3: (LAMA3) LAMININ ALPHA-3 CHAIN PRECURSOR (EPILIGRIN 170 KDA SUBUNIT) (E170).

125	Hs.78672	Q16363	LAMA4: (LAMA4) LAMININ ALPHA-4 CHAIN PRECURSOR.
126	Hs.11669	O15230	LAMA5: (KIAA0533 OR LAMA5) KIAA0533 PROTEIN (LAMININ ALPHA 5 CHAIN) (FRAGMENT).
127	Hs.82124	P07942	LAMB1: (LAMB1) LAMININ BETA-1 CHAIN PRECURSOR (LAMININ B1 CHAIN).
128	Hs.75517	Q13751	LAMB3: (LAMB3) LAMININ BETA-3 CHAIN PRECURSOR (LAMININ B1K CHAIN) (KALININ B1 CHAIN).
129	Hs.214982	P11047	LAMG1: (LAMC1 OR LAMB2) LAMININ GAMMA-1 CHAIN PRECURSOR (LAMININ B2 CHAIN).
130	Hs.69954	Q9Y6N6	LAMG3: (LAMC3) LAMININ GAMMA 3 CHAIN PRECURSOR.
131	Hs.223014	P36777	LON: (PRSS15) MITOCHONDRIAL LON PROTEASE HOMOLOG PRECURSOR (EC 3.4.21.-).
132	Hs.241257	P22064	LTBP1: (LTBP1) LATENT TRANSFORMING GROWTH FACTOR BETA BINDING PROTEIN 1 PRECURSOR (TRANSFORMING GROWTH FACTOR BETA-1 BINDING PROTEIN 1) (TGF-BETA1-BP- 1).
133	Hs.23582	P09758	M1S1: (M1S1 OR GA733-1 OR TROP2) PANCREATIC CARCINOMA MARKER PROTEIN GA733-1 PRECURSOR (CELL SURFACE GLYCOPROTEIN TROP-2).
134	Hs.83551	P55001	MAGP1: (MFAP2 OR MAGP1) MICROFIBRIL-ASSOCIATED GLYCOPROTEIN PRECURSOR (MAGP) (MAGP-1).
135	Hs.861	P27361	MAPK3: (MAPK3 OR PRKM3 OR ERK1) MITOGEN-ACTIVATED PROTEIN KINASE 3 (EC 2.7.1.-) (EXTRACELLULAR SIGNAL-REGULATED KINASE 1) (ERK-1) (INSULIN-STIMULATED MAP2 KINASE) (MAP KINASE 1) (MAPK 1) (P44-ERK1) (ERT2)(P44-MAPK)(MICROTUBULE-ASSOCIATED PROTEIN-2 KINASE)
136	Hs.211579	P43121	MCAM: (MCAM OR MUC18) CELL SURFACE GLYCOPROTEIN MUC18 PRECURSOR (MELANOMA-ASSOCIATED ANTIGEN MUC18) (MELANOMA-ASSOCIATED ANTIGEN A32) (S-ENDO 1 ENDOTHELIAL-ASSOCIATED ANTIGEN) (CD146 ANTIGEN) (MELANOMA ADHESION MOLECULE).
137	Hs.77171	P33992	MCM5: (MCM5 OR CDC46) DNA REPLICATION LICENSING FACTOR MCM5 (CDC46 HOMOLOG) (P1-CDC46).
138	Hs.111076	P40926	MDH2: (MDH2) MALATE DEHYDROGENASE, MITOCHONDRIAL PRECURSOR (EC 1.1.1.37).
139	Hs.199160	Q03164	MLL: (MLL OR HRX OR ALL1 OR TRX1 OR HTRX) ZINC FINGER PROTEIN HRX (ALL-1) (TRITHORAX-LIKE PROTEIN).
140	Hs.83169	P03956	MMP1: (MMP1 OR CLG) INTERSTITIAL COLLAGENASE PRECURSOR (EC 3.4.24.7) (MATRIX METALLOPROTEINASE-1) (MMP-1) (FIBROBLAST COLLAGENASE).
141	Hs.1695	P39900	MMP12: (MMP12 OR HME) MACROPHAGE METALLOELASTASE PRECURSOR (EC 3.4.24.65) (HME) (MATRIX METALLOPROTEINASE-12) (MMP-12).
142	Hs.111301	P08253	MMP2: (MMP2 OR CLG4A) 72 KDA TYPE IV COLLAGENASE PRECURSOR (EC 3.4.24.24) (72 KDA GELATINASE) (MATRIX METALLOPROTEINASE-2) (MMP-2) (GELATINASE A) (TBE-1).
143	Hs.184601	Q01650	MPE16: (MPE16) INTEGRAL MEMBRANE PROTEIN E16. (HLAT1 OR CD98LC) L-TYPE AMINO ACID

			TRANSPORTER 1. (4F2 LC) 4F2 LIGHT CHAIN. (SLC7A5).
144	Hs.73965	Q01130	MRF1: (SFRS2) SPLICING FACTOR, ARGININE/SERINE-RICH 2 (SPLICING FACTOR SC35) (SC-35) (SPLICING COMPONENT, 35 KDA) (PR264 PROTEIN).
145	Hs.25313	O14742	MSP58: (MSP58) NUCLEOLAR PROTEIN CELL CYCLE-REGULATED FACTOR P78.
146	Hs.76941	P54709	NA-K-ATPASE-B3: (ATP1B3) SODIUM/POTASSIUM-TRANSPORTING ATPASE BETA-3 CHAIN (SODIUM/POTASSIUM-DEPENDENT ATPASE BETA-3 SUBUNIT) (ATPB-3).
147	Hs.15977	Q9Y6M9	NDUFB9: (NDUFB9 OR UQOR22) NADH-UBIQUINONE OXIDOREDUCTASE B22 SUBUNIT (EC 1.6.5.3) (EC 1.6.99.3) (COMPLEX I-B22) (CI-B22).
148	Hs.172674	Q99842	NFATX4: (NFATC3 OR NFAT4) NUCLEAR FACTOR OF ACTIVATED T-CELLS, CYTOPLASMIC 3 (T CELL TRANSCRIPTION FACTOR NFAT4) (NF-ATC3) (NF-AT4) (NFATX).
149	Hs.62041	P14543	NIDOGEN: (NID) NIDOGEN PRECURSOR (ENTACTIN).
150	Hs.111039	P30419	NMT1: (NMT1 OR NMT) GLYCYLPEPTIDE N-TETRADECANOYLTRANSFERASE 1 (EC 2.3.1.97) (PEPTIDE N-MYRISTOYLTRANSFERASE 1) (MYRISTOYL-COA:PROTEIN N-MYRISTOYLTRANSFERASE 1) (NMT 1).
151	Hs.724	P20393	NR1D1: (NR1D1 OR THRAL OR EAR1 OR HREV) ORPHAN NUCLEAR RECEPTOR NR1D1 (V-ERBA RELATED PROTEIN EAR-1) (REV-ERBA-ALPHA).
152	Hs.1119	P22736	NR4A1: (NR4A1 OR HMR OR NAK1 OR GFRP1) ORPHAN NUCLEAR RECEPTOR HMR (EARLY RESPONSE PROTEIN NAK1) (TR3 ORPHAN RECEPTOR)
153	Hs.82120	P43354	NR4A2: (NR4A2 OR NURR1 OR TINUR OR NOT) ORPHAN NUCLEAR RECEPTOR NURR1
154	Hs.83469	Q14494	NRF1: (NFE2L1 OR NRF1 OR TCF11 OR HBZ17) NUCLEAR FACTOR ERYTHROID 2 RELATED FACTOR 1 (NF-E2 RELATED FACTOR 1) (NFE2-RELATED FACTOR 1) (NUCLEAR FACTOR, ERYTHROID DERIVED 2, LIKE 1) (TRANSCRIPTION FACTOR 11) (TRANSCRIPTION FACTOR HBZ17)
155	Hs.75212	P11926	ODC1: (ODC1) ORNITHINE DECARBOXYLASE (EC 4.1.1.17) (ODC).
156	Hs.88474	P23219	PGH1: (PTGS1 OR COX1) PROSTAGLANDIN G/H SYNTHASE 1 PRECURSOR (EC 1.14.99.1) (CYCLOOXYGENASE-1) (COX-1) (PROSTAGLANDIN-ENDOPEROXIDE SYNTHASE 1) (PROSTAGLANDIN H2SYNTHASE 1) (PGH SYNTHASE 1) (PGHS-1) (PHS 1).
157	Hs.76152	P07585	PGS2: (DCN) BONE PROTEOGLYCAN II PRECURSOR (PG-S2) (DECORIN) (PG40).
158	Hs.9589	Q9UMX0	PLIC-1: (UBQLN1) PLIC-1 UBIQUILIN. (DA41)
159	Hs.173902	P30153	PPP2R1A: (PPP2R1A) SERINE/THREONINE PROTEIN PHOSPHATASE 2A, 65 KDA REGULATORY SUBUNIT A, ALPHA ISOFORM (PP2A, SUBUNIT A, PR65-ALPHA ISOFORM) (PP2A, SUBUNIT A, R1-ALPHA ISOFORM) (MEDIUM TUMOR ANTIGEN-ASSOCIATED 61 KDA PROTEIN)
160		P34062	PSMA6: (PSMA6 OR PROS27) PROTEASOME IOTA CHAIN (EC 3.4.99.46) (MACROPAIN IOTA CHAIN) (MULTICATALYTIC ENDOPEPTIDASE COMPLEX IOTA CHAIN) (27 KDA PROSOMAL PROTEIN) (PROS-27) (P27K).

161	Hs.75748	P20618	PSMB1: (PSMB1 OR PSC5) PROTEASOME COMPONENT C5
162	Hs.79387	P47210	PSMC5: (PSMC5 OR S8) 26S PROTEASOME REGULATORY ATPASE SUBUNIT 8 (P45) (TRIP1).
163	Hs.18700	O75831	PSMD13: (PSMD13) 26S PROTEASOME SUBUNIT S11 (P40.5)
164	Hs.74619	Q13200	PSMD2: (PSMD2 OR TRAP2) 26S PROTEASOME REGULATORY SUBUNIT S2 (P97) (TUMOR NECROSIS FACTOR TYPE 1 RECEPTOR ASSOCIATED PROTEIN 2).
165	Hs.9736	O43242	PSMD3: (PSMD3) 26S PROTEASOME REGULATORY SUBUNIT S3 (PROTEASOME SUBUNIT P58).
166	Hs.148495	P55036	PSMD4: (PSMD4 OR MCB1) 26S PROTEASOME REGULATORY SUBUNIT S5A (AF) (ASF).
167	Hs.155543	P51665	PSMD7: (PSMD7 OR MOV34L) 26S PROTEASOME REGULATORY SUBUNIT S12 (MOV34 PROTEIN).
168	Hs.178658	P54727	RAD23B: (RAD23B) UV EXCISION REPAIR PROTEIN PROTEIN RAD23 HOMOLOG B (HHR23B) (XP-C REPAIR COMPLEMENTING COMPLEX 58 KDA PROTEIN) (P58).
169	Hs.206097	P17082	RRAS2: (RRAS2) RAS-RELATED PROTEIN R-RAS2 (RAS-LIKE PROTEIN TC21) (TERATOCARCINOMA ONCOGENE).
170	Hs.252189	P31431	RYODOCAN: (SDC4) SYNDECAN-4 PRECURSOR (AMPHIGLYCAN) (SYND4) (RYUDOCAN CORE PROTEIN).
171	Hs.78575	P07602	"SGP1: (PSAP) PROACTIVATOR POLYPEPTIDE PRECURSOR [CONTAINS: SAPOSIN A (PROTEIN A); SAPOSIN B (SPHINGOLIPID ACTIVATOR PROTEIN 1) (SAP-1) (DISPERSIN) (SULFATIDE/GM1 ACTIVATOR); SAPOSIN C (CO-BETA-GLUCOSIDASE) (A1 ACTIVATOR) (GLUCOSYLCERAMIDASE ACTIVATOR)..."
172	Hs.63236	O76070	SNCG: (SNCG OR BCSG1) GAMMA-SYNUCLEIN (PERSYN) (BREAST CANCER-SPECIFIC GENE 1 PROTEIN).
173	Hs.75428	P00441	SOD1: (SOD1) SUPEROXIDE DISMUTASE [CU-ZN] (EC 1.15.1.1).
174	Hs.177781	P04179	SOD2: (SOD2 OR SOD-2) SUPEROXIDE DISMUTASE [MN], MITOCHONDRIAL PRECURSOR (EC 1.15.1.1).
175	Hs.111779	P09486	SPARC: (SPARC OR ON) SPARC PRECURSOR (SECRETED PROTEIN ACIDIC AND RICH IN CYSTEINE) (OSTEONECTIN) (ON) (BASEMENT MEMBRANE PROTEIN BM-40).
176	Hs.142258	P40763	STAT3: (STAT3 OR APRF) SIGNAL TRANSDUCER AND ACTIVATOR OF TRANSCRIPTION 3 (ACUTE-PHASE RESPONSE FACTOR).
177	Hs.150580	P41567	SUI1: (SUI1) PROTEIN TRANSLATION FACTOR SUI1 HOMOLOG (SUI1ISO1).
178	Hs.75356	P15884	TCF4: (TCF4 OR ITF2 OR SEF2) TRANSCRIPTION FACTOR 4 (IMMUNOGLOBULIN TRANSCRIPTION FACTOR 2) (ITF-2) (SL3-3 ENHANCER FACTOR 2) (SEF-2).
179	Hs.125359	P04216	THY1: (THY1) THY-1 MEMBRANE GLYCOPROTEIN PRECURSOR (THY-1 ANTIGEN) (CDW90) (CD90 ANTIGEN).
180	Hs.6216	O75472	TID1: (TID1 OR TID-1) TUMOROUS IMAGINAL DISCS HOMOLOG PRECURSOR (HTID-1).
181	Hs.5831	P01033	TIMP1: (TIMP1 OR TIMP OR CLGI) METALLOPROTEINASE INHIBITOR 1 PRECURSOR (TIMP-1) (ERYTHROID POTENTIATING ACTIVITY) (EPA)

			(TISSUE INHIBITOR OF METALLOPROTEINASES) (FIBROBLAST COLLAGENASE INHIBITOR) (COLLAGENASE INHIBITOR).
182	Hs.6441	P16035	TIMP2: (TIMP2) METALLOPROTEINASE INHIBITOR 2 PRECURSOR (TIMP-2) (TISSUE INHIBITOR OF METALLOPROTEINASES-2) (CSC-21K).
183	Hs.245188	P35625	TIMP3: (TIMP3) METALLOPROTEINASE INHIBITOR 3 PRECURSOR (TIMP-3) (TISSUE INHIBITOR OF METALLOPROTEINASES-3) (MIG-5 PROTEIN).
184	Hs.190787	Q99727	TIMP4: (TIMP4) METALLOPROTEINASE INHIBITOR 4 PRECURSOR (TIMP-4) (TISSUE INHIBITOR OF METALLOPROTEINASES-4).
185	Hs.105097	P04183	TK1: (TK1) THYMIDINE KINASE, CYTOSOLIC (EC 2.7.1.21).
186	Hs.118174	P53804	TPRD: (TTC3 OR TPRD) TETRATRICOPEPTIDE REPEAT PROTEIN 3 (TPR REPEAT PROTEIN D) MTPRD.
187	Hs.278242	P04687	TUBA: (TUBA1) TUBULIN ALPHA-1 CHAIN.
188	Hs.179661	P07437	TUBB: (TUBB1) TUBULIN BETA-1 CHAIN.
189	Hs.76136	P10599	TXN: (TXN OR TRDX OR TRX) THIOREDOXIN (ATL- DERIVED FACTOR) (ADF) (SURFACE ASSOCIATED SULPHYDRYL PROTEIN) (SASP).
190	Hs.110802	P04275	VWF: (F8VWF OR VWF) VON WILLEBRAND FACTOR PRECURSOR.
191	Hs.75608	Q15883	X104: (X104 OR ZO-2) X104 (TIGHT JUNCTION PROTEIN ZO-2 ISOFORM A) (TIGHT JUNCTION PROTEIN ZO-2 ISOFORM C) (TIGHT JUNCTION PROTEIN ZO-2)
192	Hs.149923	P17861	XBP1: (XBP1 OR XBP2 OR TREB5) X BOX BINDING PROTEIN-1 (XBP-1) (TREB5 PROTEIN). (HTF) HEPATOGENESIS-RELATED TRANSCRIPTION FACTOR (HTF).
193	Hs.4055	Q99612	ZF9: (COPEB OR BCD1 OR CPBP) CORE PROMOTER ELEMENT-BINDING PROTEIN (B-CELL DERIVED PROTEIN 1) (PROTO-ONCOGENE BCD1) (KRUEPPEL- LIKE FACTOR ZF9) (TRANSCRIPTION FACTOR ZF9) (GC-RICH SITES BINDING FACTOR GBF).

Tabelle 9:

Nr.:	UniGene Accession Nr.	SWISSPROT oder TREMBL	Name des Gens / Beschreibung
1			ACTA1_HUMAN: (ACTA1 OR ACTA) ACTIN, ALPHA SKELETAL MUSCLE (ALPHA-ACTIN 1).
2			ACTA1_MOUSE: (ACTA1 OR ACTA) ACTIN, ALPHA SKELETAL MUSCLE (ALPHA-ACTIN 1).
3			ADD3: (ADD3 OR ADDL) GAMMA ADDUCIN (ADDUCIN-LIKE PROTEIN 70).
4			AHCYL1: (AHCYL1 OR XPVKONA) PUTATIVE ADENOSYLHOMOCYSTEINASE (EC 3.3.1.1) (S-ADENOSYL-L-HOMOCYSTEINE HYDROLASE) (ADOHCYASE).
5			AK025194: AK025194
6			APM2: (APM2) ADIPOSE MOST ABUNDANT GENE TRANSCRIPT 2.
7			ARHGAP1: (ARHGAP1 OR RHOGAP1 OR CDC42GAP) RHO-GTPASE-ACTIVATING PROTEIN 1 (GTPASE-ACTIVATING PROTEIN RHOGAP) (RHO-RELATED SMALL GTPASE PROTEIN ACTIVATOR) (CDC42 GTPASE-ACTIVATING PROTEIN) (P50-RHOGAP).
8			ARPC4: (ARPC4 OR ARC20) ARP2/3 COMPLEX 20 KDA SUBUNIT (P20-ARC) (ACTIN-RELATED PROTEIN 2/3 COMPLEX SUBUNIT 4).
9			ATP1A1: (ATP1A1) SODIUM/POTASSIUM-TRANSPORTING ATPASE ALPHA-1 CHAIN PRECURSOR (EC 3.6.3.9) (SODIUM PUMP) (NA ⁺ /K ⁺ ATPASE).
10			ATP6S14: (ATP6S14 OR VATF) VACUOLAR ATP SYNTHASE SUBUNIT F (EC 3.6.1.34) (V-ATPASE F SUBUNIT) (VACUOLAR PROTON PUMP F SUBUNIT) (V-ATPASE 14 KDA SUBUNIT).
11			B4-2: B4-2 PROTEIN.
12			BA217H1.1: (BA217H1.1) BA217H1.1 (SIMILAR TO N33 PROTEIN) (FRAGMENT). (DKFZP564K142). (IAG2) IMPLANTATION-ASSOCIATED PROTEIN.
13			BHMT2: (BHMT2) BETAIN-HOMOCYSTEINE METHYLTRANSFERASE 2.
14			BLP: (BLP OR KM23) BITHORAXOID-LIKE PROTEIN (HSPC162) (DYNEIN-ASSOCIATED PROTEIN HKM23) (HSPC162 PROTEIN).
15			BM-002: BM-002 (HYPOTHETICAL 9.1 KDA PROTEIN).
16			BM045: UNCHARACTERIZED BONE MARROW PROTEIN BM045.
17			C11ORF24: (C11ORF24) DM4E3.
18			C1QA: (C1QA) COMPLEMENT C1Q SUBCOMPONENT, A CHAIN PRECURSOR.
19			CG8989: (CG8989) ((H3F3A OR HIS3.3A OR CG5825) AND (H3F3B OR HISH3-3Q OR HIS3) HISTONE H3.3 (H3.A) (H3.B) (H3.3Q)).
20			CGBP: (CGBP) CPG BINDING PROTEIN.
21			CGI-149: CGI-149 PROTEIN.
22			CTSH: (CTSH) CATHEPSIN H PRECURSOR (EC 3.4.22.16).
23			CYBA_HUMAN: (CYBA) CYTOCHROME B-245 LIGHT

			CHAIN (P22 PHAGOCYTE B-CYTOCHROME) (NEUTROPHIL CYTOCHROME B, 22 KDA POLYPEPTIDE) (P22-PHOX) (CYTOCHROME B(558) ALPHA CHAIN) (SUPEROXIDE-GENERATING NADPH OXIDASE LIGHT CHAIN SUBUNIT).
24			CYBA_MOUSE: (CYBA) CYTOCHROME B-245 LIGHT CHAIN (P22 PHAGOCYTE B-CYTOCHROME) (NEUTROPHIL CYTOCHROME B, 22 KDA POLYPEPTIDE) (P22-PHOX) (CYTOCHROME B(558) ALPHA CHAIN) (SUPEROXIDE-GENERATING NADPH OXIDASE LIGHT CHAIN SUBUNIT).
25			DAXX: FAS-BINDING PROTEIN DAXX.
26			DJ1009E24.7: (DJ1009E24.7) DJ1009E24.7.
27			DJ159A19.3: (DJ159A19.3) DJ159A19.3 (NOVEL PROTEIN) (HYPOTHETICAL 26.4 KDA PROTEIN).
28			DKFZP434B044: (DKFZP434B044) HYPOTHETICAL 55.9 KDA PROTEIN.
29			DKFZP434M242: DKFZP434M242
30			DKFZP547A023: (DKFZP547A023) HYPOTHETICAL 19.5 KDA PROTEIN (FRAGMENT).
31			DKFZP566B193: DKFZP566B193
32			DKFZP761D0211: (DKFZP761D0211) HYPOTHETICAL 59.7 KDA PROTEIN.
33			DNCI2: (DNCI2 OR DNCIC2) DYNEIN INTERMEDIATE CHAIN 2, CYTOSOLIC (DH IC-2) (CYTOPLASMIC DYNEIN INTERMEDIATE CHAIN 2) (FRAGMENT).
34			DPM2: (DPM2) DOLICHOL PHOSPHATE-MANNOSE BIOSYNTHESIS REGULATORY PROTEIN.
35			DQ2A: HLA CLASS II HISTOCOMPATIBILITY ANTIGEN, DQ(2) ALPHA CHAIN PRECURSOR. H-2 CLASS II HISTOCOMPATIBILITY ANTIGEN, ALPHA CHAIN.
36			DSP: (DSP) DESMOPLAKIN (DP) (250/210 KDA PARANEOPLASTIC PEMPHIGUS ANTIGEN).
37			ECGF1: (ECGF1) THYMIDINE PHOSPHORYLASE PRECURSOR (EC 2.4.2.4) (TDRPASE) (TP) (PLATELET- DERIVED ENDOTHELIAL CELL GROWTH FACTOR) (PD- ECGF) (GLIOSTATIN).
38			EDAG: (EDAG) EDAG-1-LIKE PROTEIN (HEMOGEN-1).
39			EFEMP2: (EFEMP2 OR FBLN4) EGF-CONTAINING FIBULIN-LIKE EXTRACELLULAR MATRIX PROTEIN 2 PRECURSOR (FIBULIN-4) (FIBL-4) (UPH1 PROTEIN).
40			EIF4G1: (EIF4G1 OR EIF4G) EUKARYOTIC TRANSLATION INITIATION FACTOR 4 GAMMA (EIF-4-GAMMA) (EIF-4G) (EIF4G) (P220).
41			EMI: (EMI) EMILIN PRECURSOR.
42			FB19: (FB19) FB19 PROTEIN (PNUTS).
43			FLJ11346: FLJ11346
44			GTAR: (GTAR) GENE TRAP ANKYRIN REPEAT CONTAINING PROTEIN.
45			HSD17B7: (HSD17B7) ESTRADIOL 17 BETA- DEHYDROGENASE 7 (EC 1.1.1.62) (17-BETA-HSD 7) (17- BETA-HYDROXYSTEROID DEHYDROGENASE 7).
46			ICAT: (ICAT) BETA-CATENIN-INTERACTING PROTEIN ICAT.
47			KLF5: (KLF5 OR IKLF OR CKLF OR BTEB2) KRUEPPEL- LIKE FACTOR 5 (INTESTINAL-ENRICHED KRUEPPEL- LIKE FACTOR) (COLON KRUEPPEL-LIKE FACTOR) (TRANSCRIPTION FACTOR BTEB2) (BASIC

			TRANSCRIPTION ELEMENT BINDING PROTEIN 2) (GC BOX BINDING PROTEIN 2).
48			LAP: (LAP) CYTOSOL AMINOPEPTIDASE (EC 3.4.11.1) (LEUCINE AMINOPEPTIDASE) (LAP) (LEUCYL AMINOPEPTIDASE) (PROLINE AMINOPEPTIDASE) (EC 3.4.11.5) (PROLYL AMINOPEPTIDASE).
49			LMOD1: (LMOD1) LEIOMODIN 1 (LEIOMODIN, MUSCLE FORM) (64 KDA AUTOANTIGEN D1) (64 KDA AUTOANTIGEN 1D) (64 KDA AUTOANTIGEN 1D3) (THYROID-ASSOCIATED OPHTHALMOPATHY AUTOANTIGEN) (SMOOTH MUSCLE LEIOMODIN) (SM-LMOD).
50			LNV: (LNV) LNV.
51			MAP17: (MAP17) 17 KDA MEMBRANE ASSOCIATED PROTEIN (DD96 PROTEIN).
52			MLN51: (MLN51) MLN 51 PROTEIN.
53			NAF1: (NAF1 BETA) NAF1 BETA PROTEIN (HUMAN FETAL CRANIOFACIAL MRNA, PARTIAL CDS).
54			NCBP1: (NCBP1 OR NCBP OR CBP80) 80 KDA NUCLEAR CAP BINDING PROTEIN (NCBP 80 KDA SUBUNIT) (CBP80).
55			NUCKS: (NUCKS) NUCLEAR UBIQUITOUS CASEIN AND CYCLIN-DEPENDENT KINASES SUBSTRATE.
56			OS9: (OS9) PROTEIN OS-9 PRECURSOR.
57			Q16465: HYPOTHETICAL PROTEIN (FRAGMENT). (RPL41) HOMOLOGUE TO YEAST RIBOSOMAL PROTEIN L41.
58			Q9BSM6: SIMILAR TO RIKEN CDNA 2310040G17 GENE (FRAGMENT).
59			R32184 3: R32184 3.
60			RAN: (RAN) GTP-BINDING NUCLEAR PROTEIN RAN (TC4).
61			RPL13: (RPL13 OR BBC1) 60S RIBOSOMAL PROTEIN L13 (BREAST BASIC CONSERVED PROTEIN 1).
62			RPLP2: (RPLP2) 60S ACIDIC RIBOSOMAL PROTEIN P2.
63			RPS16: (RPS16) 40S RIBOSOMAL PROTEIN S16.
64			RPS19: (RPS19) 40S RIBOSOMAL PROTEIN S19.
65			RTN-X: (KIAA0886 OR RTN-X) KIAA0886 PROTEIN (RTN-XL) (RETICULON 4A). TESTIS SPECIFIC RETICULON 5 PROTEIN. BRAIN MY043 PROTEIN. (NOGO OR RTN-X) FOOCEN-M (NOGO-B PROTEIN) (RTN-XS) (RETICULON 4B). (ASY) ASY PROTEIN. (NOGO) FOOCEN-S (NOGO-C PROTEIN) (HYPOTHET
66			S100A10: (S100A10 OR CAL1L OR ANX2LG OR CLP11) CALPACTIN I LIGHT CHAIN (P10 PROTEIN) (P11) (CELLULAR LIGAND OF ANNEXIN II).
67			S100A2: (S100A2 OR S100L) S100 CALCIUM-BINDING PROTEIN A2 (S-100L PROTEIN) (CAN19).
68			SEMA3C: (SEMA3C OR SEMAE) SEMAPHORIN 3C PRECURSOR (SEMAPHORIN E) (SEMA E).
69			SEPT2: (SEPT2 OR NEDD5 OR DIFF6 OR KIAA0158) SEPTIN 2 (NEDD5 PROTEIN HOMOLOG).
70			SET: (SET) SET PROTEIN (HLA-DR ASSOCIATED PROTEIN II) (PHAPII) (PHOSPHATASE 2A INHIBITOR I2PP2A).
71			SFRS11: (SFRS11) SPLICING FACTOR ARGININE/SERINE-RICH 11 (ARGININE-RICH 54 KDA NUCLEAR PROTEIN) (P54).

72			SIR2L: (SIR2L OR SIRT2 OR SIR2L2) SILENCING INFORMATION REGULATOR 2-LIKE PROTEIN (SIR2 (SILENT MATING TYPE INFORMATION REGULATION 2, S.CEREVISIAE, HOMOLOG)-LIKE).
73			SLC9A1: (SLC9A1 OR NHE1 OR APNH1) SODIUM/HYDROGEN EXCHANGER 1 (NA(+)/H(+)) EXCHANGER 1) (NHE-1) (NA+/H+ANTIporter, AMILORIDE-SENSITIVE) (APNH).
74			SLU7: STEP II SPLICING FACTOR SLU7.
75			SMT3H2: (SMT3H2 OR SMT3B) UBIQUITIN-LIKE PROTEIN SMT3B (SENTRIN 2).
76			SORD: (SORD OR SDH1) SORBITOL DEHYDROGENASE (EC 1.1.1.14) (L-IDITOL 2-DEHYDROGENASE).
77			SOX20: (SOX20 OR SOX15 OR SOX-15) SOX-20 PROTEIN.
78			SRP9: (SRP9) SIGNAL RECOGNITION PARTICLE 9 KDA PROTEIN (SRP9).
79			SSRP1: (SSRP1 OR CIIDBP) STRUCTURE-SPECIFIC RECOGNITION PROTEIN 1 (SSRP1) (RECOMBINATION SIGNAL SEQUENCE RECOGNITION PROTEIN) (T160) (CHROMATIN-SPECIFIC TRANSCRIPTION ELONGATION FACTOR 80 KDA SUBUNIT) (FACT 80 KDA SUBUNIT).
80			STAB1: (STAB1) STABILIN-1.
81			SUV3: (SUV3) PUTATIVE ATP-DEPENDENT MITOCHONDRIAL RNA HELICASE.
82			TE2: (TE2 OR ARD1) N-TERMINAL ACETYLTTRANSFERASE COMPLEX ARD1 SUBUNIT HOMOLOG.
83			TGFBI: (TGFBI OR BIGH3) TRANSFORMING GROWTH FACTOR-BETA INDUCED PROTEIN IG-H3 PRECURSOR (BETA IG-H3) (KERATO-EPITHELIN) (RGD-CONTAINING COLLAGEN ASSOCIATED PROTEIN) (RGD-CAP).
84			TPMT: (TPMT) THIOPURINE S-METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.1.67) (THIOPURINE METHYLTRANSFERASE).
85			TRIM29A: ATAXIA-TELANGIECTASIA GROUP D-ASSOCIATED PROTEIN (TRIPARTITE MOTIF PROTEIN TRIM29 ALPHA).
86			TSTA3: (TSTA3 OR TSTAP35B OR P35B) GDP-FUCOSE SYNTHETASE (FX PROTEIN) (RED CELL NADP(H)-BINDING PROTEIN).
87			TTF-IIP12: (FKSG13 OR PTRF) LEUCINE-ZIPPER PROTEIN FKSG13 (TTF-I INTERACTING PEPTIDE 12) (POLYMERASE I-TRANSCRIPT RELEASE FACTOR).
88			TUBA4: (TUBA4) TUBULIN ALPHA-4 CHAIN.
89			TUFT1: (TUFT1 OR DKFZP586G2219) TUFTELIN 1 (HYPOTHETICAL 44.3 KDA PROTEIN).
90			CHST5_MOUSE: (CHST5 OR I-GLCNAC-6-ST) N-ACETYLGALUCOSAMINE 6-O-SULFOTRANSFERASE.
91			EEF1A1: (EEF1A1 OR EEF1A OR EF1A) ELONGATION FACTOR 1-ALPHA 1 (EF-1-ALPHA-1) (ELONGATION FACTOR 1 A-1) (EEF1A-1) (ELONGATION FACTOR TU) (EF-TU).
92			EMBL_AL133429: EMBL_AL133429
93			EMBL_BC009757: EMBL_BC009757
94			EST00098: (EST00098) EST00098 PROTEIN (FRAGMENT).
95			EST_AA548686: EST_AA548686
96			EST_AA552025: EST_AA552025

97		EST AA584843: EST AA584843
98		EST AA640108: EST AA640108
99		EST AA649141: EST AA649141
100		EST AA725246: EST AA725246
101		EST AA804235: EST AA804235
102		EST AA913191: EST AA913191
103		EST AI075228: EST AI075228
104		EST AI089822: EST AI089822
105		EST AI242082: EST AI242082
106		EST AI354540: EST AI354540
107		EST AI418576: EST AI418576
108		EST AI732274: EST AI732274
109		EST AL045661: EST AL045661
110		EST AV735432: EST AV735432
111		EST AW016700: EST AW016700
112		EST AW137203: EST AW137203
113		EST AW205184: EST AW205184
114		EST AW296183: EST AW296183
115		EST AW970604: EST AW970604
116		FER1L3: (FER1L3) FER-1 LIKE PROTEIN 3.
117		FLJ00075: (FLJ00075) FLJ00075 PROTEIN (FRAGMENT).
118		FLJ12408: CDNA FLJ12408 FIS, CLONE MAMMA1002869, HIGHLY SIMILAR TO PINCH PROTEIN.
119		FLJ12671: CDNA FLJ12671 FIS, CLONE NT2RM4002323, WEAKLY SIMILAR TO ANTIGEN GOR (SIMILAR TO HYPOTHETICAL PROTEIN FLJ12484).
120		FLJ12750: CDNA FLJ12750 FIS, CLONE NT2RP2001168, WEAKLY SIMILAR TO VERPROLIN (HYPOTHETICAL 31.3 KDA PROTEIN).
121		FLJ12875: CDNA FLJ12875 FIS, CLONE NT2RP2003777.
122		FLJ13110: CDNA FLJ13110 FIS, CLONE NT2RP3002549, MODERATELY SIMILAR TO HYPOTHETICAL 26.6 KD PROTEIN T19C3.4 IN CHROMOSOME III.
123		FLJ13388: FLJ13388
124		"FLJ13631: CDNA FLJ13631 FIS, CLONE PLACE1011090, HIGHLY SIMILAR TO HOMO SAPIENS MRNA; CDNA DKFZP586A0522 (FROM CLONE DKFZP586A0522) (UNKNOWN) (PROTEIN FOR MGC:11081)."
125		FLJ13855: CDNA FLJ13855 FIS, CLONE THYRO1000983, WEAKLY SIMILAR TO UBIQUITIN-CONJUGATING ENZYME E2-17 KD 9 (EC 6.3.2.19), FLJ 13968, CLONE Y9AA1001493.
126		FLJ14318: FLJ14318
127		FLJ20037: CDNA FLJ20037 FIS, CLONE COL00314.
128		FLJ20288: CDNA FLJ20288 FIS, CLONE HEP04414 (FRAGMENT).
129		FLJ20297: CDNA FLJ20297 FIS, CLONE HEP05942.
130		FLJ20321: CDNA FLJ20321 FIS, CLONE HEP09380.
131		FLJ20396: CDNA FLJ20396 FIS, CLONE KAT00561 (HYPOTHETICAL 20.4 KDA PROTEIN).
132		FLJ20895: FLJ20895
133		FLJ21120: CDNA: FLJ21120 FIS, CLONE CAS05691.
134		FLJ21289: FLJ21289
135		FLJ21296: FLJ21296
136		FLJ21839: CDNA: FLJ21839 FIS, CLONE HEP01794.
137		FLJ22428: (FBXW5) CDNA: FLJ22428 FIS, CLONE HRC09055 (WD REPEAT-CONTAINING F-BOX PROTEIN

			FBW5) (F-BOX AND WD-40 DOMAIN PROTEIN 5).
138			FLJ22955: CDNA: FLJ22955 FIS, CLONE KAT09907.
139			FLJ23558: CDNA: FLJ23558 FIS, CLONE LNG09703.
140			GJB3_HUMAN: (GJB3 OR CX31) GAP JUNCTION BETA-3 PROTEIN (CONNEXIN 31) (CX31).
141			GLIPR: (GLIPR OR RTVP1) GLIOMA PATHOGENESIS-RELATED PROTEIN (RTVP-1 PROTEIN).
142			GNAS1: (GNAS1 OR GNAS OR GSP) GUANINE NUCLEOTIDE-BINDING PROTEIN G(S), ALPHA SUBUNIT (ADENYLATE CYCLASE-STIMULATING G ALPHA PROTEIN). (XLAS) G-PROTEIN XLAS.
143			GNB1: (GNB1) GUANINE NUCLEOTIDE-BINDING PROTEIN G(I)/G(S)/G(T) BETA SUBUNIT 1 (TRANSDUCIN BETA CHAIN 1).
144			GST4BETA_HUMAN: (GST4BETA OR CHST6) N-ACETYLGLUCOSAMINE 6-O-SULFOTRANSFERASE GST-4BETA (CORNEAL N-ACETYLGLUCOSAMINE-6-O-SULFOTRANSFERASE).
145			GSTM2: (GSTM2 OR GST4) GLUTATHIONE S-TRANSFERASE MU 2 (EC 2.5.1.18) (GSTM2-2) (GST CLASS-MU).
146			GTF2F1: (GTF2F1 OR RAP74) TRANSCRIPTION INITIATION FACTOR IIF, ALPHA SUBUNIT (TFIIF-ALPHA) (TRANSCRIPTION INITIATION FACTOR RAP74).
147			H-SP1: (H-SP1) PANTOPHYSIN.
148			HASPP28: (HASPP28) 28 KDA HEAT- AND ACID-STABLE PHOSPHOPROTEIN (PDGF-ASSOCIATED PROTEIN).
149			HNRPL: (HNRPL) HETEROGENEOUS NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN L (HNRNP L).
150			HSPC170: ADRENAL GLAND PROTEIN AD-001 (HSPC170 PROTEIN) (HSPC152).
151			HSPC195: HSPC195.
152			HSPC254: HSPC254 (FRAGMENT).
153			HSPC300: HSPC300 (FRAGMENT).
154			HSPC330: HSPC330 (FRAGMENT).
155			IGFBP4: (IGFBP4 OR IBP4) INSULIN-LIKE GROWTH FACTOR BINDING PROTEIN 4 PRECURSOR (IGFBP-4) (IBP-4) (IGF-BINDING PROTEIN 4).
156			IGHA1: (IGHA1) IG ALPHA-1 CHAIN C REGION.
157			IL22R: (IL22R) IL-22 RECEPTOR.
158			ITM2B: (ITM2B OR BRI) INTEGRAL MEMBRANE PROTEIN 2B (TRANSMEMBRANE PROTEIN BRI).
159			ITPKB: (ITPKB) 1D-MYO-INOSITOL-TRISPHOSPHATE 3-KINASE B (EC 2.7.1.127) (INOSITOL 1,4,5-TRISPHOSPHATE 3-KINASE) (IP3K) (IP3 3-KINASE) (FRAGMENT).
160			JANUS-A: SEX-REGULATED PROTEIN JANUS-A (CGI-202).
161			KCNK6: (KCNK6 OR TWIK2 OR TOSS) POTASSIUM CHANNEL SUBFAMILY K MEMBER 6 (INWARD RECTIFYING POTASSIUM CHANNEL PROTEIN TWIK-2) (TWIK-ORIGINATED SIMILARITY SEQUENCE).
162			KIAA0127: (KIAA0127) HYPOTHETICAL PROTEIN KIAA0127.
163			KIAA0252: (KIAA0252) MYELOBLAST KIAA0252 (FRAGMENT).
164			KIAA0302: (KIAA0302 OR SPTBN2) BETA-SPECTRIN III

			(FNTA III SPECTRIN).
165			KIAA0346: (KIAA0346) KIAA0346 PROTEIN (FRAGMENT).
166			KIAA0661: (KIAA0661) KIAA0661 PROTEIN (95 KDA RETINOBLASTOMA PROTEIN BINDING PROTEIN, KIAA0661 GENE PRODUCT).
167			KIAA0720: (KIAA0720) KIAA0720 PROTEIN (FRAGMENT).
168			KIAA0731: (KIAA0731) KIAA0731 PROTEIN (FRAGMENT).
169			KIAA0876: (KIAA0876) KIAA0876 PROTEIN (FRAGMENT).
170			KIAA0911: (KIAA0911) KIAA0911 PROTEIN. (CSTN1 OR CALSYNTENIN-1) CALSYNTENIN-1
171			KIAA1063: (KIAA1063) KIAA1063 PROTEIN (FRAGMENT).
172			KIAA1096: (KIAA1096) KIAA1096 PROTEIN (FRAGMENT).
173			KIAA1175: (KIAA1175) KIAA1175 PROTEIN (FRAGMENT).
174			KIAA1440: (KIAA1440) KIAA1440 PROTEIN (FRAGMENT).
175			KIAA1564: (KIAA1564) KIAA1564 PROTEIN (FRAGMENT).
176			KIAA1753: (KIAA1753) KIAA1753 PROTEIN (FRAGMENT).
177			KIAA1841: KIAA1841 PROTEIN.
178			LDHA: (LDHA) L-LACTATE DEHYDROGENASE M CHAIN (EC 1.1.1.27) (LDH-A).
179			LIPHB: (LIPHB) LIPOPHILIN B PRECURSOR.
180			MAZ: (MAZ) MYC-ASSOCIATED ZINC FINGER PROTEIN (MAZI) (PURINE-BINDING TRANSCRIPTION FACTOR) (PUR-1) (ZF87) (ZIF87).
181			MDH1: (MDH1 OR MDHA) MALATE DEHYDROGENASE, CYTOPLASMIC (EC 1.1.1.37).
182			MEN1: MEN1
183			MGC2532: UNKNOWN (PROTEIN FOR MGC:5178) (PROTEIN FOR MGC:2532).
184			MGC2749: HYPOTHETICAL 19.6 KDA PROTEIN (UNKNOWN) (PROTEIN FOR MGC:2749).
185			MIG-2: MIG-2 PROTEIN (FRAGMENT).
186			MT2A_HUMAN: (MT2A OR MT2) METALLOTHIONEIN-II (MT-II).
187			NAPA: (NAPA) ALPHA-SOLUBLE NSF ATTACHMENT PROTEIN (SNAP-ALPHA).
188			NCL: (NCL) NUCLEOLIN (PROTEIN C23).
189			NDUFA3: (NDUFA3) NADH-UBIQUINONE OXIDOREDUCTASE B9 SUBUNIT (EC 1.6.5.3) (EC 1.6.99.3) (COMPLEX I-B9) (CI-B9).
190			O75394: RIBOSOMAL PROTEIN L33-LIKE PROTEIN.
191			PABP2: (PABP2) POLY(A) BINDING PROTEIN II.
192			PALLID: PALLID (PALLID (MOUSE) HOMOLOG, PALLIDIN).
193			PARPL: (PARPL) PUTATIVE POLY(ADP-RIBOSYL) TRANSFERASE PRECURSOR. VAULT PROTEIN. (ADPRTL1) BA169017.3 (ADP-RIBOSYLTRANSFERASE (NAD ⁺ , POLY (ADP-RIBOSE) POLYMERASE)-LIKE 1). (KIAA0177) KIAA0177 PROTEIN (FRAGMENT).
194			PCOLCE: (PCOLCE) PROCOLLAGEN C-PROTEINASE ENHANCER PROTEIN PRECURSOR (PCPE) (TYPE I PROCOLLAGEN COOH-TERMINAL PROTEINASE ENHANCER) (TYPE 1 PROCOLLAGEN C-PROTEINASE ENHANCER PROTEIN).
195			PFKL: (PFKL) 6-PHOSPHOFRUCTOKINASE, LIVER TYPE (EC 2.7.1.11) (PHOSPHOFRUCTOKINASE 1) (PHOSPHOHEXOKINASE) (PHOSPHOFRUCTO-1-KINASE ISOZYME B) (PFK-B).

196			PI4KB: (PI4KB) PHOSPHATIDYLINOSITOL 4-KINASE.
197			PIR: (PIR) PIRIN.
198			PLASMOLIPIN: PLASMOLIPIN.
199			PNAS-110: PNAS-110.
200			PPL: (PPL OR KIAA0568) PERIPLAKIN (195 KDA CORNIFIED ENVELOPE PRECURSOR) (190 KDA PARANEOPLASTIC PEMPHIGUS ANTIGEN).
201			PQBP-1: (PQBP-1 OR JM26 OR NPW38) POLYGLUTAMINE BINDING PROTEIN 1 (JM26 PROTEIN) (PQBP-1).
202			PSMF1: (PSMF1) DJ545L17.3 (PROTEASOME (PROSOME, MACROPAIN) INHIBITOR SUBUNIT 1 (PI31)).
203			Q04323: HYPOTHETICAL 33.4 KDA PROTEIN.
204			Q9BRK3: SIMILAR TO RIKEN CDNA 1200013A08 GENE.
205			Q9BRX8: SIMILAR TO RIKEN CDNA 5730469M10 GENE.
206			Q9BV68: HYPOTHETICAL 35.6 KDA PROTEIN.
207			Q9BWN5: SIMILAR TO ILVB (BACTERIAL ACETOLACTATE SYNTHASE)-LIKE.
208			Q9Y475: INOSITOL 1,4,5-TRISPHOSPHATE 3-KINASE ISOENZYME (EC 2.7.1.127) (FRAGMENT).
209			RAB11A: (RAB11A OR RAB11) RAS-RELATED PROTEIN RAB-11A (RAB-11) (24KG) (YL8).
210			RAB2: (RAB2) RAS-RELATED PROTEIN RAB-2.
211			RALGDS: (RALGDS OR RGF) RAL GUANINE NUCLEOTIDE DISSOCIATION STIMULATOR (RALGEF) (RALGDS).
212			RBM6: (RBM6 OR DEF3) RNA-BINDING PROTEIN 6 (RNA BINDING MOTIF PROTEIN 6) (RNA-BINDING PROTEIN DEF-3) (LUNG CANCER ANTIGEN NY-LU-12) (PROTEIN G16).
213			RGS10: (RGS10) REGULATOR OF G-PROTEIN SIGNALING 10 (RGS10).
214			RHOIP3: (RHOIP3) RHO-INTERACTING PROTEIN 3 (P116RIP) (RIP3). (KIAA0864) KIAA0864 PROTEIN (FRAGMENT).
215			RIS: (RIS) RIS.
216			RLIP76: (RIP1) RLIP76 PROTEIN, RAL-INTERACTING PROTEIN 1 (RIP1 PROTEIN) RALBP1.
217			RNPS1: (RNPS1) SR PROTEIN (RIBONUCLEIC ACID BINDING PROTEIN S1 (RNA/DNA-BINDING PROTEIN)).
218			RPL14: (RPL14) 60S RIBOSOMAL PROTEIN L14 (CAG-ISL 7).
219			SB135: (MYADM OR MUG) MYELOID-ASSOCIATED DIFFERENTIATION MARKER (MYELOID UPREGULATED PROTEIN) (SB135).
220			SEPP1: (SEPP1 OR SELP) SELENOPROTEIN P PRECURSOR (SEP).
221			SF3B2: (SF3B2 OR SAP145) SPLICING FACTOR 3B PROTEIN, SUBUNIT 2 (SF3B150) (SPLICEOSOME ASSOCIATED PROTEIN 145) (SAP 145).
222			SOD3: (SOD3) EXTRACELLULAR SUPEROXIDE DISMUTASE PRECURSOR (EC 1.15.1.1) (EC-SOD).
223			SQSTM1_HUMAN: (SQSTM1 OR OSI) OXIDATIVE STRESS INDUCED PHOSPHOTYROSINE INDEPENDENT LIGAND FOR THE LCK SH2 DOMAIN P62 (SEQUESTOSOME 1). EBI3-ASSOCIATED PROTEIN P60. PKC-ZETA-INTERACTING PROTEIN (ZIP).

224			SQSTM1_MOUSE: (SQSTM1 OR OSI) OXIDATIVE STRESS INDUCED PHOSPHOTYROSINE INDEPENDENT LIGAND FOR THE LCK SH2 DOMAIN P62 (SEQUESTOSOME 1). EBI3-ASSOCIATED PROTEIN P60. PKC-ZETA-INTERACTING PROTEIN (ZIP).
225			SUN2: (SUN2) SAD1 UNC-84 DOMAIN PROTEIN 2 (FRAGMENT). (KIAA0668 OR DJ508I15.4) KIAA0668 PROTEIN (FRAGMENT).
226			TM4SF2: (TM4SF2 OR MXS1 OR A15) TRANSMEMBRANE 4 SUPERFAMILY, MEMBER 2 (CELL SURFACE GLYCOPROTEIN A15) (T-CELL ACUTE LYMPHOBLASTIC LEUKEMIA ASSOCIATED ANTIGEN 1) (TALLA-1) (MEMBRANE COMPONENT, X CHROMOSOME, SURFACE MARKER 1).
227			UGP2: (UGP2) UTP-GLUCOSE-1-PHOSPHATE URIDYLYLTRANSFERASE 2 (EC 2.7.7.9) (UDP-GLUCOSE PYROPHOSPHORYLASE 2) (UDPGP 2) (UGPASE 2).
228			VAMP5: (VAMP5) VESICULE-ASSOCIATED MEMBRANE PROTEIN 5 (VAMP-5) (MYOBREVIN) (HSPC191).
229			WDR1: (WDR1) WD-REPEAT PROTEIN 1 (ACTIN INTERACTING PROTEIN 1) (NORI-1).
230			XAB2: (XAB2) XAB2.
231			ZB42D04: ZB42D04
232			ZNF220: (ZNF220 OR MOZ) MONOCYTIC LEUKEMIA ZINC FINGER PROTEIN (ZINC FINGER PROTEIN 220).
233			ZNF6: (ZNF6) ZINC FINGER TRANSCRIPTION FACTOR.
234			ZNFN2A1: (ZNFN2A1) DOUBLE FYVE-CONTAINING PROTEIN 1.

Patentansprüche:

1. Verfahren zur Identifizierung der für die Hautalterung und/oder den Hautstreß bedeutsamen Gene bei Menschen oder Tieren in vitro, dadurch gekennzeichnet, daß man
 - a) ein erstes Gemisch von in menschlicher oder tierischer Haut exprimierten, d. h. transkribierten und gegebenenfalls auch translatierten genetisch codierten Faktoren, also von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen aus junger menschlicher oder tierischer Haut gewinnt,
 - b) ein zweites Gemisch von in menschlicher oder tierischer Haut exprimierten, d. h. transkribierten und gegebenenfalls auch translatierten genetisch codierten Faktoren, also von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen aus alter menschlicher oder tierischer Haut gewinnt und
 - c) die in a) und b) gewonnenen Gemische einer Seriellen Analyse der Genexpression (SAGE) unterwirft, und dadurch die Gene identifiziert, die in alter und junger Haut unterschiedlich stark (differentiell) exprimiert werden.
2. Verfahren zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung bei Menschen oder Tieren in vitro, dadurch gekennzeichnet, daß man
 - a) ein Gemisch von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen aus menschlicher oder tierischer Haut gewinnt,
 - b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die mittels Serieller Analyse der Genexpression (SAGE) als in alter und junger Haut differentiell exprimiert identifiziert werden,
 - c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den mittels Serieller Analyse der Genexpression (SAGE) identifizierten Expressionsmustern vergleicht und
 - d) das in b) untersuchte Gemisch alter bzw. gestreßter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in alter bzw. gestreßter Haut stärker exprimiert werden als in junger bzw. ungestreßter Haut, oder das in b) untersuchte Gemisch junger bzw. ungestreßter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-

Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in junger bzw. ungestreßter Haut stärker exprimiert werden als in alter bzw. gestreßter Haut.

3. Verfahren nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, daß man
in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,
in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in den Tabellen 1 bis 4 in den Spalten 3 und 4 angegebenen relativen Expressionsfrequenzen sowie den in Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und
in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch alter bzw. gestreßter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in alter bzw. gestreßter Haut mindestens doppelt so stark exprimiert werden wie in junger bzw. ungestreßter Haut, oder das in b) untersuchte Gemisch junger bzw. ungestreßter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in junger bzw. ungestreßter Haut mindestens doppelt so stark exprimiert werden wie in alter bzw. gestreßter Haut.
4. Verfahren nach Anspruch 2 oder 3, dadurch gekennzeichnet, daß man
in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in den Tabellen 2 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,
in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in den Tabellen 2 bis 4 in den Spalten 3 und 4 angegebenen relativen Expressionsfrequenzen sowie den in Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und
in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch alter bzw. gestreßter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in alter bzw. gestreßter Haut mindestens 5-fach so stark exprimiert werden wie in junger bzw. ungestreßter Haut, oder das in b)

untersuchte Gemisch junger bzw. ungestreifter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in junger bzw. ungestreifter Haut mindestens 5-fach so stark exprimiert werden wie in alter bzw. gestreifter Haut.

5. Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß man
in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in den Tabellen 3 und 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,
in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in den Tabellen 3 und 4 in den Spalten 3 und 4 angegebenen relativen Expressionsfrequenzen sowie den in Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und
in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch alter bzw. gestreifter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in alter bzw. gestreifter Haut mindestens 7-fach so stark exprimiert werden wie in junger bzw. ungestreifter Haut, oder das in b) untersuchte Gemisch junger bzw. ungestreifter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in junger bzw. ungestreifter Haut mindestens 7-fach so stark exprimiert werden wie in alter bzw. gestreifter Haut.
6. Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 5, dadurch gekennzeichnet, daß man
in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in Tabelle 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,
in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in Tabelle 4 in den Spalten 3 und 4 angegebenen relativen Expressionsfrequenzen sowie den in Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und
in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch alter bzw. gestreifter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in alter bzw. gestreifter Haut mindestens 10-fach

so stark exprimiert werden wie in junger bzw. ungestreifter Haut, oder das in b) untersuchte Gemisch junger bzw. ungestreifter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in junger bzw. ungestreifter Haut mindestens 10-fach so stark exprimiert werden wie in alter bzw. gestreifter Haut.

7. Verfahren nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, daß man
 - in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in Tabelle 5 oder 7 in Spalte 2 durch ihre 11 Basen umfassende Tag-Sequenz definiert werden,
 - in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in Tabelle 5 oder 7 in den Spalten 3 und 4 angegebenen relativen Expressionsfrequenzen sowie den in Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und
 - in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch alter bzw. gestreifter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in alter bzw. gestreifter Haut mindestens doppelt, insbesondere 5-fach, vorzugsweise 7-fach, besonders bevorzugt 10-fach, ganz besonders bevorzugt 11-fach so stark exprimiert werden wie in junger bzw. ungestreifter Haut, oder das in b) untersuchte Gemisch junger bzw. ungestreifter Haut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in junger bzw. ungestreifter Haut mindestens doppelt, insbesondere 5-fach, vorzugsweise 7-fach, besonders bevorzugt 10-fach so stark exprimiert werden wie in alter bzw. gestreifter Haut.
8. Verfahren zur Bestimmung des Hautstreuß und/oder der Hautalterung bei Menschen oder Tieren in vitro, dadurch gekennzeichnet, daß man
 - a) ein Gemisch von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen aus menschlicher oder tierischer Haut gewinnt,
 - b) in dem gewonnenen Gemisch mindestens zwei der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen quantifiziert, die mittels eines Verfahrens gemäß Anspruch 1 als für die Hautalterung und/oder den Hautstreuß bedeutsam identifiziert werden,

- c) die Expressionsverhältnisse der mindestens zwei Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen zueinander bestimmt,
 - d) die Expressionsverhältnisse aus c) mit den Expressionsverhältnissen vergleicht, die für die in b) quantifizierten Moleküle typischerweise in junger bzw. in alter Haut vorliegen, insbesondere mit den Expressionsverhältnissen, die sich aus den Tabellen 1 bis 5 und 7, Spalten 3 bzw. 4 ergeben, und
 - e) das in a) gewonnene Gemisch alter bzw. gestreßter Haut zuordnet, wenn die Expressionsverhältnisse der untersuchten Haut den Expressionsverhältnissen in alter Haut entsprechen, oder das in a) gewonnene Gemisch junger bzw. ungestreßter Haut zuordnet, wenn die Expressionsverhältnisse der untersuchten Haut den Expressionsverhältnissen in junger Haut entsprechen.
9. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 8, dadurch gekennzeichnet, daß man in Schritt a) das Gemisch aus einer Hautprobe, insbesondere aus einer Vollhautprobe oder aus einer Epidermisprobe gewinnt.
10. Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 8, dadurch gekennzeichnet, daß man in Schritt a) das Gemisch mittels Mikrodialyse gewinnt.
11. Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 7, 9 und 10, dadurch gekennzeichnet, daß man die Untersuchung in Schritt b) auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine oder Proteinfragmente mittels einer Methode durchführt, die ausgewählt ist unter
- i. Ein- oder zweidimensionaler Gelelektrophorese
 - ii. Affinitätschromatographie
 - iii. Protein-Protein-Komplexierung in Lösung
 - iv. Massenspektrometrie, insbesondere Matrix Assistierter Laser Desorptions Ionisation (MALDI) und insbesondere
 - v. Einsatz von Proteinchips,
- oder mittels geeigneter Kombinationen dieser Methoden.

12. Verfahren nach einem der Ansprüche 8 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß man die Untersuchung in Schritt b) die Quantifizierung mindestens zweier Proteine oder Proteinfragmente mittels einer Methode durchführt, die ausgewählt ist unter
- i. Ein- oder zweidimensionaler Gelelektrophorese
 - ii. Affinitätschromatographie
 - iii. Protein-Protein-Komplexierung in Lösung
 - iv. Massenspektrometrie, insbesondere Matrix Assistierter Laser Desorptions Ionisation (MALDI) und insbesondere
 - v. Einsatz von Proteinchips,
- oder mittels geeigneter Kombinationen dieser Methoden.
13. Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 7, 9 und 10, dadurch gekennzeichnet, daß man die Untersuchung in Schritt b) auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der mRNA-Moleküle oder mRNA-Molekülfragmente mittels einer Methode durchführt, die ausgewählt ist unter
- i. Northern Blots,
 - ii. Reverse Transkriptase Polymerasekettenreaktion (RT-PCR),
 - iii. RNase-Schutzexperimente,
 - iv. Dot-Blots,
 - v. CDNA-Sequenzierung,
 - vi. Klon-Hybridisierung,
 - vii. Differential Display,
 - viii. Subtraktive Hybridisierung,
 - ix. cDNA-Fragment-Fingerprinting,
 - x. Total Gene Expression Analysis (TOGA)
 - xi. Serielle Analyse der Genexpression (SAGE) und insbesondere
 - xii. Einsatz von Nukleinsäurechips,
- oder mittels geeigneter Kombinationen dieser Methoden.
14. Verfahren nach einem der Ansprüche 8 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß man die Untersuchung in Schritt b) die Quantifizierung mindestens zweier mRNA-Moleküle oder mRNA-Molekülfragmente mittels einer Methode durchführt, die ausgewählt ist unter

- i. Northern Blots,
 - ii. Reverse Transkriptase Polymerasekettenreaktion (RT-PCR),
 - iii. RNase-Schutzexperimente,
 - iv. Dot-Blots,
 - v. CDNA-Sequenzierung,
 - vi. Klon-Hybridisierung,
 - vii. Differential Display,
 - viii. Subtraktive Hybridisierung,
 - ix. cDNA-Fragment-Fingerprinting,
 - x. Total Gene Expression Analysis (TOGA)
 - xi. Serielle Analyse der Genexpression (SAGE) und insbesondere
 - xii. Einsatz von Nukleinsäurechips,
- oder mittels geeigneter Kombinationen dieser Methoden.

15. Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 7, 9, 10, 11 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß man in Schritt b) auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von 1 bis etwa 5000, bevorzugt 1 bis etwa 1000, insbesondere etwa 10 bis etwa 500, vorzugsweise etwa 10 bis etwa 250, besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 100 und ganz besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 50 der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die

- i. in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder die
- ii. in Tabelle 6 oder 8 in Spalte 2 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder in Spalte 3 durch ihre Swissprot- oder TREMBL-Nummer, oder in Spalte 4 durch ihre EMBL/Genbank-Nummer, oder in Tabelle 9 durch den Namen des Gens, oder die
- iii. in Tabelle 5 oder in Tabelle 7 in Spalte 2 durch ihre 11 Basen umfassende Tag-Sequenz definiert werden.

16. Verfahren nach einem der Ansprüche 8 bis 10, 12 und 14, dadurch gekennzeichnet, daß man in Schritt b) 1 bis etwa 5000, bevorzugt 1 bis etwa 1000, insbesondere etwa 10 bis etwa 500, vorzugsweise etwa 10 bis etwa 250, besonders bevorzugt etwa 10

bis etwa 100 und ganz besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 50 der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen quantifiziert, die

- i. in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder die
- ii. in Tabelle 6 oder 8 in Spalte 2 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder in Spalte 3 durch ihre Swissprot- oder TREMBL-Nummer, oder in Spalte 4 durch ihre EMBL/Genbank-Nummer, oder in Tabelle 9 durch den Namen des Gens, oder die
- iii. in Tabelle 5 oder in Tabelle 7 in Spalte 2 durch ihre 11 Basen umfassende Tag-Sequenz definiert werden.

17. Test-Kit zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung bei Menschen oder Tieren in vitro, umfassend Mittel zur Durchführung der Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 16.

18. Biochip zur Bestimmung des Hautstreß und/oder der Hautalterung bei Menschen oder Tieren in vitro, umfassend

- i. einen Träger und
- ii. auf diesem immobilisierte Sonden, die zur spezifischen Bindung an mindestens eines der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen befähigt sind, die in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden, oder die in Tabelle 5 oder in Tabelle 7 in Spalte 2 durch ihre 11 Basen umfassende Tag-Sequenz definiert werden.

19. Biochip nach Anspruch 18, umfassend 1 bis etwa 5000, bevorzugt 1 bis etwa 1000, insbesondere etwa 10 bis etwa 500, vorzugsweise etwa 10 bis etwa 250, besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 100 und ganz besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 50 voneinander verschiedene Sonden.

20. Biochip nach Anspruch 18 oder 19, umfassend Nukleinsäuresonden, insbesondere RNA- oder PNA-Sonden, besonders bevorzugt DNA-Sonden.

21. Biochip nach Anspruch 20, umfassend Sonden mit einer Länge von etwa 10 bis etwa 1000, insbesondere etwa 10 bis etwa 800, vorzugsweise etwa 100 bis etwa 600, besonders bevorzugt etwa 200 bis etwa 400 Nukleotiden.
22. Biochip nach Anspruch 18 oder 19, umfassend Peptid- oder Proteinsonden, insbesondere Antikörper.
23. Biochip nach einem der Ansprüche 18 bis 22, umfassend Sonden, die zur spezifischen Bindung an mindestens eines der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen befähigt sind, die in Tabelle 6 oder 8 in Spalte 2 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder in Spalte 3 durch ihre Swissprot- oder TREMBL-Nummer, oder in Spalte 4 durch ihre EMBL/Genbank-Nummer, oder in Tabelle 9 durch den Namen des Gens definiert werden,
24. Verwendung der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen, die
 - i. in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder die
 - ii. in Tabelle 6 oder 8 in Spalte 2 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder in Spalte 3 durch ihre Swissprot- oder TREMBL-Nummer, oder in Spalte 4 durch ihre EMBL/Genbank-Nummer, oder in Tabelle 9 durch den Namen des Gens, oder die
 - iii. in Tabelle 5 oder in Tabelle 7 in Spalte 2 durch ihre 11 Basen umfassende Tag-Sequenz definiert werden
als Streß- und/oder Alterungsmarker der Haut bei Menschen oder Tieren.
25. Testverfahren zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstreß und/oder Hautalterung in vitro, dadurch gekennzeichnet, daß man
 - a) den Hautstatus durch ein Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 16, oder mittels eines Test-Kits nach Anspruch 17, oder mittels eines Biochips nach einem der Ansprüche 18 bis 23 bestimmt,

- b) einen Wirkstoff gegen Hautstreß und/oder Hautalterung einmal oder mehrmals auf die Haut aufbringt,
- c) erneut den Hautstatus durch ein Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 16, oder mittels eines Test-Kits nach Anspruch 17, oder mittels eines Biochips nach einem der Ansprüche 18 bis 23 bestimmt, und
- d) die Wirksamkeit des Wirkstoffs durch den Vergleich der Ergebnisse aus a) und c) bestimmt.

26. Test-Kit zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstreß und/oder Hautalterung in vitro, umfassend Mittel zur Durchführung des Verfahrens nach Anspruch 25.

27. Verwendung der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen, die

- i. in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder die
- ii. in Tabelle 6 oder 8 in Spalte 2 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder in Spalte 3 durch ihre Swissprot- oder TREMBL-Nummer, oder in Spalte 4 durch ihre EMBL/Genbank-Nummer, oder in Tabelle 9 durch den Namen des Gens, oder die
- iii. in Tabelle 5 oder in Tabelle 7 in Spalte 2 durch ihre 11 Basen umfassende Tag-Sequenz definiert werden

zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstreß und/oder Hautalterung.

28. Screening-Verfahren zur Identifikation von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstreß und/oder Hautalterung in vitro, dadurch gekennzeichnet, daß man

- a) den Hautstatus durch ein Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 16, oder mittels eines Test-Kits nach Anspruch 17, oder mittels eines Biochips nach einem der Ansprüche 18 bis 23 bestimmt,
- b) einen potentiellen Wirkstoff gegen Hautstreß und/oder Hautalterung einmal oder mehrmals auf die Haut aufbringt,

- c) erneut den Hautstatus durch ein Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 16, oder mittels eines Test-Kits nach Anspruch 17, oder mittels eines Biochips nach einem der Ansprüche 18 bis 23 bestimmt, und
- d) wirksame Wirkstoffe durch den Vergleich der Ergebnisse aus a) und c) bestimmt.

29. Verwendung der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen, die

- i. in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder die
- ii. in Tabelle 6 oder 8 in Spalte 2 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder in Spalte 3 durch ihre Swissprot- oder TREMBL-Nummer, oder in Spalte 4 durch ihre EMBL/Genbank-Nummer, oder in Tabelle 9 durch den Namen des Gens, oder die
- iii. in Tabelle 5 oder in Tabelle 7 in Spalte 2 durch ihre 11 Basen umfassende Tag-Sequenz definiert werden

zur Identifikation von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstreß und/oder Hautalterung.

30. Verfahren zur Herstellung einer kosmetischen oder pharmazeutischen Zubereitung gegen Hautstreß und/oder Hautalterung, dadurch gekennzeichnet, daß man

- a) wirksame Wirkstoffe mit Hilfe des Verfahrens nach Anspruch 28, oder der Verwendung nach Anspruch 29 bestimmt und
- b) als wirksam befundene Wirkstoffe mit kosmetisch und pharmakologisch geeigneten und verträglichen Trägern vermischt.

31. Kosmetische oder pharmazeutische Zubereitung gegen Hautstreß und/oder Hautalterung, enthaltend mindestens ein Nukleinsäurekonstrukt, das geeignet ist, die Aktivität mindestens eines der Proteine zu unterdrücken oder zu verringern, die in alter bzw. gestreßter Haut stärker exprimiert werden als in junger bzw. ungestreßter Haut, oder die Aktivität mindestens eines der Proteine zu induzieren oder zu verstärken, die in junger bzw. ungestreßter Haut stärker exprimiert werden als in alter bzw. gestreßter Haut.

32. Zubereitung nach Anspruch 31, dadurch gekennzeichnet, daß das Protein ausgewählt ist, bzw. die Proteine ausgewählt sind unter denen, die
- a) in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder die
 - b) in Tabelle 6 oder 8 in Spalte 2 durch ihre UniGene-Accession-Number, oder in Spalte 3 durch ihre Swissprot- oder TREMBL-Nummer, oder in Spalte 4 durch ihre EMBL/Genbank-Nummer, oder in Tabelle 9 durch den Namen des Gens, oder die
 - c) in Tabelle 5 oder in Tabelle 7 in Spalte 2 durch ihre 11 Basen umfassende Tag-Sequenz definiert werden.
33. Zubereitung nach Anspruch 31 oder 32, dadurch gekennzeichnet, daß das Nukleinsäurekonstrukt ausgewählt ist unter DNA, RNA oder PNA.
34. Zubereitung nach einem der Ansprüche 31 bis 33, dadurch gekennzeichnet, daß sie etwa 1000, insbesondere etwa 10 bis etwa 500, vorzugsweise etwa 10 bis etwa 250, besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 100 und ganz besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 50 voneinander verschiedene Nukleinsäurekonstrukte enthält.
35. Zubereitung nach einem der Ansprüche 31 bis 34, dadurch gekennzeichnet, daß das Nukleinsäurekonstrukt ausgewählt ist unter proteinkodierenden Sequenzen, Ribozymen, Antisense-Nukleinsäuren, Triple-Helix-Bildnern und rRNA.
36. Zubereitung nach einem der Ansprüche 31 bis 35, dadurch gekennzeichnet, daß das Nukleinsäurekonstrukt in Lipidvesikeln eingeschlossen ist, beispielsweise in Liposomen, Niosomen oder Transfersomen, vorzugsweise in Liposomen.

SEQUENCE LISTING

<110> Henkel Kommanditgesellschaft auf Aktien

<120> Verfahren zur Bestimmung des Hautstreß oder der Hautalterung in vitro

<130> H 5084 PCT

<150> 101 00 121.5

<151> 2001-01-03

<160> 1435

<170> SeqWin99, version 1.02

<210> 1

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1
ccccggccac c 11

<210> 2

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2
aaacattaaa a 11

<210> 3

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 3
ggctgtaccc a 11

<210> 4

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 4
ttgaggggt g 11

<210> 5

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 5
ccacgggatt c 11

<210> 6

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 6
agccaccgca c 11

<210> 7
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 7
tcctccctac t 11

<210> 8
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 8
tcaaaagacc t 11

<210> 9
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 9
ttagtgtcgt a 11

<210> 10
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 10
tttctagttt g 11

<210> 11
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 11
gaccaggccc t 11

<210> 12
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 12
ttgagccagc c 11

<210> 13
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 13
agattcaaac t 11

<210> 14
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 14
acaggctacg g 11

<210> 15
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 15
aattgaaaag g 11

<210> 16
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 16
gtggcgaatg a 11

<210> 17
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 17
tggccccacc c 11

<210> 18
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 18
gagactcctg c 11

<210> 19
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 19
tagtcccagc t 11

<210> 20
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 20
cccagagacc c 11

<210> 21
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 21
aggctcaggt c 11

<210> 22
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 22

atttcttcaa g 11

<210> 23
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 23
tgtgagcccc t 11

<210> 24
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 24
ctgacttgtg t 11

<210> 25
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 25
acggaacaat a 11

<210> 26
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 26
ctgtttgttc a 11

<210> 27
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 27
tgtggcgtat a 11

<210> 28
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 28
ctttttgtgc c 11

<210> 29
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 29
atggatacgg g 11

<210> 30
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 30	
taggatgggg g	11
<210> 31	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 31	
ccccgccaag t	11
<210> 32	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 32	
tgctgtgcat a	11
<210> 33	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 33	
cgtgggacac t	11
<210> 34	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 34	
ccctcctggg g	11
<210> 35	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 35	
ggggtaagaa a	11
<210> 36	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 36	
gacctatctc t	11
<210> 37	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 37	
caggaggagt t	11
<210> 38	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 38	
ctgagacaaa g	11
<210> 39	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 39	
ctccccctgcc c	11
<210> 40	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 40	
ttccaaggca g	11
<210> 41	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 41	
gtggccagag g	11
<210> 42	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 42	
ggttttgctt a	11
<210> 43	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 43	
catctaaact g	11
<210> 44	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 44	
acatagaccg a	11
<210> 45	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 45	
ccacagggga t	11
<210> 46	
<211> 11	
<212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 46

agcctggact g

11

<210> 47

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 47

tctgtttatc a

11

<210> 48

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 48

gagcagcgcc c

11

<210> 49

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 49

ccgggggagc c

11

<210> 50

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 50

tctgcttaca g

11

<210> 51

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 51

ttggtgtgct g

11

<210> 52

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 52

ttgcccagca c

11

<210> 53

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 53

cacccctgat g

11

<210> 54

<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 54
cccttgtccg a 11

<210> 55
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 55
aaacaataaa a 11

<210> 56
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 56
aaataaaagc t 11

<210> 57
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 57
acaaaacccc a 11

<210> 58
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 58
gtacgtattc t 11

<210> 59
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 59
cctataattc c 11

<210> 60
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 60
tttcctctca a 11

<210> 61
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 61
cggctggtga a 11

<210> 62

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 62
tgcagatggt t 11

<210> 63
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 63
acaactttta t 11

<210> 64
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 64
gtgcgctgag c 11

<210> 65
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 65
ccactgtatt c 11

<210> 66
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 66
agggaggggc c 11

<210> 67
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 67
ttgtaaatgc g 11

<210> 68
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 68
cttctactaa t 11

<210> 69
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 69
agcctgcaga a 11

<210> 70
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 70
gcaaaaccct a 11

<210> 71
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 71
gcccaaggac c 11

<210> 72
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 72
caagaggcaa a 11

<210> 73
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 73
tgggacgtga g 11

<210> 74
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 74
cctgttatcc c 11

<210> 75
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 75
gggggacggc t 11

<210> 76
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 76
ccaggcacgc t 11

<210> 77
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 77
ttttaatgt t 11

<210> 78
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 78
tacagtatgt t 11

<210> 79
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 79
gtattcccct t 11

<210> 80
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 80
gcctgggctg g 11

<210> 81
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 81
gtggggggga g 11

<210> 82
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 82
tcaccaaaaa a 11

<210> 83
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 83
gacttgata t 11

<210> 84
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 84
atcacacagc t 11

<210> 85
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 85

ctgctgagtg a	11
<210> 86	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 86	
gaaacaagat g	11
<210> 87	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 87	
tctgtagtcc c	11
<210> 88	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 88	
aaccCGGGGg g	11
<210> 89	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 89	
aataaagcct t	11
<210> 90	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 90	
agctggtttc c	11
<210> 91	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 91	
gttgttttg g	11
<210> 92	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 92	
gaagcaataa a	11
<210> 93	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 93 gtgatggtgt a	11
<210> 94 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 94 ctattgcact c	11
<210> 95 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 95 ttactaaatg g	11
<210> 96 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 96 tatttcaccg t	11
<210> 97 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 97 caggatccag a	11
<210> 98 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 98 gcagtcgctt g	11
<210> 99 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 99 gttccacaga a	11
<210> 100 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 100 atgtcttttc t	11
<210> 101 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 101 ccagggcaac a	11
<210> 102 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 102 tccctgtaca t	11
<210> 103 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 103 ttatggatct c	11
<210> 104 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 104 gaccctagct c	11
<210> 105 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 105 taccgccataa a	11
<210> 106 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 106 cttaaaaaaa a	11
<210> 107 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 107 ttcttgaaca a	11
<210> 108 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 108 tcggagctgt t	11
<210> 109 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 109
tttggttttc c 11

<210> 110
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 110
tggtgctccc a 11

<210> 111
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 111
ggttatttag t 11

<210> 112
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 112
gaggtccctg g 11

<210> 113
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 113
cagcagcaaa a 11

<210> 114
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 114
tttcttccct t 11

<210> 115
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 115
agtctgctgg g 11

<210> 116
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 116
gtggcgggca t 11

<210> 117
<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 117
tgtgcggctt c 11

<210> 118
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 118
gaagaggaca a 11

<210> 119
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 119
gatcccaact g 11

<210> 120
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 120
atgctaaaaa a 11

<210> 121
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 121
tgataattca a 11

<210> 122
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 122
gatagcacag t 11

<210> 123
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 123
tgaaataaaa g 11

<210> 124
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 124
ccactgcgct c 11

<210> 125

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 125
tccttgcttc t 11

<210> 126
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 126
ccctcaatcc c 11

<210> 127
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 127
tccatcaaga a 11

<210> 128
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 128
gaaatgagca g 11

<210> 129
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 129
aagaagactt c 11

<210> 130
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 130
tgcaatatgc c 11

<210> 131
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 131
gtggcgggag c 11

<210> 132
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 132
tgttcatcat c 11

<210> 133
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 133
ctggatgggc a 11

<210> 134
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 134
gggaaacccc g 11

<210> 135
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 135
taagtagcaa a 11

<210> 136
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 136
cctgtggtct c 11

<210> 137
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 137
cgggcacctt c 11

<210> 138
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 138
ttcagtgccct g 11

<210> 139
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 139
acaaacttag g 11

<210> 140
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 140
gatttggtgtt c 11

<210> 141
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 141
ttgaattccc c 11

<210> 142
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 142
tagttgaagt c 11

<210> 143
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 143
tttgcacctt t 11

<210> 144
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 144
cctgtaatcc a 11

<210> 145
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 145
ttaaatagca c 11

<210> 146
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 146
aagatcaaga t 11

<210> 147
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 147
accttggtgcc c 11

<210> 148
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 148

gctccgagcg t	11
<210> 149	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 149	
cctttgtaag t	11
<210> 150	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 150	
ttcactgccg a	11
<210> 151	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 151	
ttctgtgaat c	11
<210> 152	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 152	
ttgccggtta a	11
<210> 153	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 153	
tgcactctggt g	11
<210> 154	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 154	
tttacaaga g	11
<210> 155	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 155	
cagacttttg g	11
<210> 156	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 156 ctgtccttgt g	11
<210> 157 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 157 tccgtgtata a	11
<210> 158 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 158 accctgcca a	11
<210> 159 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 159 ctcccccaag c	11
<210> 160 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 160 cttgcaagtcc t	11
<210> 161 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 161 aacaggggcc a	11
<210> 162 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 162 cctggccaga a	11
<210> 163 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 163 agggaaaaaa a	11
<210> 164 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 164 aagaaaggag t	11
<210> 165 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 165 cccgacgtgc c	11
<210> 166 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 166 aaggagggt c	11
<210> 167 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 167 ccccaggaga a	11
<210> 168 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 168 ctgggcgtgt c	11
<210> 169 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 169 tacttgggag g	11
<210> 170 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 170 aaagaaagtg g	11
<210> 171 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 171 tatctgtcta c	11
<210> 172 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 172
gaatcactgc c

11

<210> 173

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 173
attaacaaag c

11

<210> 174

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 174
ttctgctctt g

11

<210> 175

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 175
gacataaatc c

11

<210> 176

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 176
acggtgatgt c

11

<210> 177

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 177
gatcaggcca g

11

<210> 178

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 178
ctttattcca g

11

<210> 179

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 179
gtgttaacca g

11

<210> 180

<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 180
ccattgtact c 11

<210> 181
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 181
ggaaatgtca a 11

<210> 182
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 182
accaaaaacc a 11

<210> 183
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 183
agaaagatgt c 11

<210> 184
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 184
gaagatgtgg g 11

<210> 185
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 185
tcaccttagg t 11

<210> 186
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 186
tggttggtgg t 11

<210> 187
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 187
tgcacacaca c 11

<210> 188

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 188
ttaaagattt a 11

<210> 189
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 189
gtgctattct g 11

<210> 190
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 190
ttttcaagaa g 11

<210> 191
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 191
tacattgctt t 11

<210> 192
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 192
aggctggatg c 11

<210> 193
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 193
tgtccacaca t 11

<210> 194
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 194
tgatctgcct g 11

<210> 195
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 195
ataggtcaga a 11

<210> 196
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 196
ggtgaaaccc c 11

<210> 197
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 197
tccatctgtt g 11

<210> 198
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 198
actgggcagt g 11

<210> 199
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 199
taaaaacttt c 11

<210> 200
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 200
tccggccg a 11

<210> 201
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 201
catctgtaat c 11

<210> 202
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 202
aggtcaaaa a 11

<210> 203
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 203
ctccctgaac g 11

<210> 204
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 204
tggaaatgac c 11

<210> 205
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 205
gcccccaata a 11

<210> 206
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 206
agaaccttaa a 11

<210> 207
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 207
atgtgaagag t 11

<210> 208
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 208
gatgaggaga c 11

<210> 209
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 209
atagccagg a 11

<210> 210
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 210
aaaagcagaa a 11

<210> 211
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 211

taatttgcgt t	11
<210> 212	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 212	
tgaggccagg c	11
<210> 213	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 213	
gtttttgctt c	11
<210> 214	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 214	
taggcccaag t	11
<210> 215	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 215	
cagttacaaa g	11
<210> 216	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 216	
gaccacgaat a	11
<210> 217	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 217	
ctgggccagc c	11
<210> 218	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 218	
aattacagcc a	11
<210> 219	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 219		
aggatgacca g		11
<210> 220		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo sapiens		
<400> 220		
gaaaccgagg g		11
<210> 221		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo sapiens		
<400> 221		
agccgagatc g		11
<210> 222		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo sapiens		
<400> 222		
ccggccctac c		11
<210> 223		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo sapiens		
<400> 223		
ctgtctgtgg c		11
<210> 224		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo sapiens		
<400> 224		
aacgctgcga a		11
<210> 225		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo sapiens		
<400> 225		
caagcgctct a		11
<210> 226		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo sapiens		
<400> 226		
cctgtagttc t		11
<210> 227		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo sapiens		

<400> 227	
gcaaaacact g	11
<210> 228	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 228	
cctgctccct g	11
<210> 229	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 229	
gaagctttgc a	11
<210> 230	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 230	
ccactaatgg a	11
<210> 231	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 231	
ggccccattg c	11
<210> 232	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 232	
ggatgcgcag g	11
<210> 233	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 233	
gccgacgcca g	11
<210> 234	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 234	
ccttgagtac a	11
<210> 235	
<211> 11	
<212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 235
tggaattccc t

<210> 236
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 236
aagcgggacc t

<210> 237
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 237
ccaggctgcg t

<210> 238
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 238
cctctagtcc c

<210> 239
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 239
acggaagttt t

<210> 240
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 240
atggcacatt c

<210> 241
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 241
gagcaaacgg a

<210> 242
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 242
cagctggcca t

<210> 243
<211> 11

11

11

11

11

11

11

11

11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 243
atcaaattgca a 11

<210> 244
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 244
caccagcatt g 11

<210> 245
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 245
cagttactta g 11

<210> 246
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 246
atggcgggtg c 11

<210> 247
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 247
ttgcatatca g 11

<210> 248
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 248
tctgctaaag a 11

<210> 249
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 249
ttggacctgg g 11

<210> 250
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 250
gcttcctcct c 11

<210> 251

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 251
tgtttgtgtg t 11

<210> 252
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 252
cattataact t 11

<210> 253
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 253
agatacatag c 11

<210> 254
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 254
tgtggtggtg t 11

<210> 255
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 255
ggagatgagg a 11

<210> 256
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 256
ggctgagctc a 11

<210> 257
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 257
gcccgccttg t 11

<210> 258
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 258
gggtttgttt c 11

<210> 259
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 259
ctatggcttc a 11

<210> 260
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 260
ctggccgcaa g 11

<210> 261
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 261
gtgtatcttt t 11

<210> 262
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 262
ctccatcggc t 11

<210> 263
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 263
caccaccacg c 11

<210> 264
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 264
gcgaccaaca t 11

<210> 265
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 265
gctaaggaga t 11

<210> 266
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 266
aggcctcggc a 11

<210> 267
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 267
tgctgctgct t 11

<210> 268
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 268
gccccgccct c 11

<210> 269
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 269
agccgagatc a 11

<210> 270
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 270
gtggtatgtg c 11

<210> 271
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 271
ccctggcaat g 11

<210> 272
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 272
gtgaagcctc a 11

<210> 273
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 273
cgagggcact c 11

<210> 274
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 274

ctgaaatcta t	11
<210> 275	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 275	
cctgtgatcc t	11
<210> 276	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 276	
tcactgcatt c	11
<210> 277	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 277	
acaacacccc a	11
<210> 278	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 278	
attgcatcac t	11
<210> 279	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 279	
tagctccctt g	11
<210> 280	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 280	
aagctctgtg t	11
<210> 281	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 281	
gtgatggatg g	11
<210> 282	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 282	
gaccagaaaa a	11
<210> 283	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 283	
gcctggtgac c	11
<210> 284	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 284	
gtgctctgta c	11
<210> 285	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 285	
caggaggaaa g	11
<210> 286	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 286	
gacaatgcca g	11
<210> 287	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 287	
agcttccagc c	11
<210> 288	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 288	
tgggcccgtg t	11
<210> 289	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 289	
gatctcttgg g	11
<210> 290	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 290	
tgtgacctct c	11
<210> 291	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 291	
tgcttcactct g	11
<210> 292	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 292	
gtgctcaaac c	11
<210> 293	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 293	
agcagggctc c	11
<210> 294	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 294	
tgcaacttcaa g	11
<210> 295	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 295	
acgcagggag a	11
<210> 296	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 296	
caagacgggg g	11
<210> 297	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 297	
tactcttggc a	11
<210> 298	
<211> 11	
<212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 298

ctctaagaag c

11

<210> 299

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 299

gtgcgctagg g

11

<210> 300

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 300

tgatctccaa a

11

<210> 301

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 301

agcacatttg a

11

<210> 302

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 302

tcttgtgcat a

11

<210> 303

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 303

gcctatggc c

11

<210> 304

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 304

cctgtaatct t

11

<210> 305

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 305

atctcgaaag g

11

<210> 306

<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 306
tgtctttgct c 11

<210> 307
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 307
ttttatttcc a 11

<210> 308
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 308
cagtactgta t 11

<210> 309
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 309
gccaagatgc c 11

<210> 310
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 310
ccaacaagaa t 11

<210> 311
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 311
tccacgcacc a 11

<210> 312
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 312
gggggtcacc g 11

<210> 313
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 313
taataaagaa t 11

<210> 314

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 314
gcttttcaga c 11

<210> 315
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 315
ttgttattgc c 11

<210> 316
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 316
taatcctcaa g 11

<210> 317
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 317
gagcggcctc t 11

<210> 318
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 318
aaaccaaaaa a 11

<210> 319
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 319
tttcagagag a 11

<210> 320
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 320
tagccgctga g 11

<210> 321
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 321
atcactaaag a 11

<210> 322
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 322
atatgtatat t 11

<210> 323
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 323
ttttctctga a 11

<210> 324
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 324
tggcctctct g 11

<210> 325
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 325
ctgttagtgt g 11

<210> 326
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 326
gaggagggtg a 11

<210> 327
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 327
tctacttttg t 11

<210> 328
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 328
ctgggcctgg c 11

<210> 329
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 329
aaaataaacc t 11

<210> 330
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 330
gatttcgttt t 11

<210> 331
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 331
gccactaccc c 11

<210> 332
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 332
accgccgtgg t 11

<210> 333
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 333
agctaccggg c 11

<210> 334
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 334
tgggactcca g 11

<210> 335
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 335
ctgttctctt g 11

<210> 336
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 336
tggagagcaa c 11

<210> 337
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 337

gcaaagaaaa a	11
<210> 338	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 338	
tgagtggaca g	11
<210> 339	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 339	
tggatcaacc a	11
<210> 340	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 340	
agccggatgc t	11
<210> 341	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 341	
gtgaaaccac a	11
<210> 342	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 342	
gtccctgcct t	11
<210> 343	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 343	
ctccacaaat t	11
<210> 344	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 344	
tggccccagg t	11
<210> 345	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 345 atggtgggcg c	11
<210> 346 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 346 gggaagtcac c	11
<210> 347 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 347 gtggcgcgca c	11
<210> 348 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 348 gtggtaggtg c	11
<210> 349 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 349 tgccatctgt a	11
<210> 350 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 350 gtgaaattcc a	11
<210> 351 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 351 cctgtgattc c	11
<210> 352 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 352 gcggggtacc c	11
<210> 353 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 353	
gggattaaag c	11
<210> 354	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 354	
aattcaatta a	11
<210> 355	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 355	
aggaacacaa a	11
<210> 356	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 356	
ttggccaggg t	11
<210> 357	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 357	
ttgctggaga a	11
<210> 358	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 358	
agcaaactga a	11
<210> 359	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 359	
gtggcggacg c	11
<210> 360	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 360	
tttttgataa a	11
<210> 361	
<211> 11	
<212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 361
taatggtaac t 11

<210> 362
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 362
tttttgtatt a 11

<210> 363
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 363
ggatacaacc t 11

<210> 364
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 364
caagggtgac a 11

<210> 365
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 365
cggagtccat t 11

<210> 366
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 366
tgcgcgccct g 11

<210> 367
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 367
ggaagcacgg a 11

<210> 368
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 368
gagccccgt g 11

<210> 369
<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 369
cagatggagg c 11

<210> 370
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 370
gctggtgcct g 11

<210> 371
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 371
gcctttccct c 11

<210> 372
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 372
acgaaacccc a 11

<210> 373
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 373
atttaaaaaa a 11

<210> 374
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 374
catttgggaa g 11

<210> 375
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 375
ccttccaaat t 11

<210> 376
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 376
tttctgctcc t 11

<210> 377

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 377
aatattgaga a 11

<210> 378
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 378
ctgaaacagc t 11

<210> 379
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 379
cactgccttt g 11

<210> 380
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 380
ttgcaaccaa a 11

<210> 381
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 381
atctcagctc a 11

<210> 382
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 382
gctttgatga t 11

<210> 383
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 383
aagctaataa a 11

<210> 384
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 384
atgatgatga t 11

<210> 385
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 385
tagaaaggca g 11

<210> 386
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 386
taccccaccc t 11

<210> 387
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 387
ggaatgtacg t 11

<210> 388
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 388
gtgaaaacct g 11

<210> 389
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 389
tgccaccaca c 11

<210> 390
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 390
atgtaggtgc c 11

<210> 391
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 391
aatctagttc t 11

<210> 392
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 392
ttgattgagt g 11

<210> 393
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 393
aagctgctgg a 11

<210> 394
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 394
agtgtctgtg a 11

<210> 395
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 395
attttgtgca a 11

<210> 396
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 396
cctgcccccc t 11

<210> 397
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 397
aaaaataaaag c 11

<210> 398
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 398
tgctggtgtg g 11

<210> 399
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 399
tgaagagaat t 11

<210> 400
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 400

atggctaagc t 11

<210> 401
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 401
catcacggat c 11

<210> 402
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 402
acaagaattg t 11

<210> 403
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 403
tgtgaacaca t 11

<210> 404
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 404
ggaccttggg g 11

<210> 405
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 405
cttctatgta g 11

<210> 406
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 406
ttcttatttt a 11

<210> 407
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 407
ttctcccaaa t 11

<210> 408
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 408	
tattgacaac a	11
<210> 409	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 409	
aaaaagcaga t	11
<210> 410	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 410	
agctattcct c	11
<210> 411	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 411	
gttcaaagac t	11
<210> 412	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 412	
agttgtcact t	11
<210> 413	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 413	
tggtagttac c	11
<210> 414	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 414	
tgtaacgtgg g	11
<210> 415	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 415	
cccttctgcc a	11
<210> 416	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 416 gacagtcact c	11
<210> 417 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 417 cagctcagct g	11
<210> 418 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 418 gcgaaacccc t	11
<210> 419 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 419 ccataatggt g	11
<210> 420 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 420 aaagcatttc t	11
<210> 421 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 421 atgaccgcga g	11
<210> 422 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 422 gagcttacat t	11
<210> 423 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 423 ttggttgct g	11
<210> 424 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 424
gttaccagtt t 11

<210> 425
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 425
tggaactgtg a 11

<210> 426
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 426
aaaccccgtc t 11

<210> 427
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 427
gagggctcttg t 11

<210> 428
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 428
gtggtgcgcg c 11

<210> 429
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 429
atccacccgc c 11

<210> 430
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 430
tggaggccag g 11

<210> 431
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 431
gggtgcaaaa a 11

<210> 432
<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 432
tactgcaaaa a 11

<210> 433
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 433
ttatttatga a 11

<210> 434
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 434
gtataaacgt c 11

<210> 435
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 435
cgtgttaatg g 11

<210> 436
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 436
cctgtaggcc c 11

<210> 437
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 437
aactgtcctt c 11

<210> 438
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 438
ccattgcatt c 11

<210> 439
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 439
ttacttcccc a 11

<210> 440

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 440
tctggcccag c 11

<210> 441
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 441
cctctcccat t 11

<210> 442
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 442
ttgtgagaat a 11

<210> 443
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 443
agctaggga g 11

<210> 444
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 444
gggaggtagc a 11

<210> 445
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 445
gaatgaggac a 11

<210> 446
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 446
caacttaagt g 11

<210> 447
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 447
cctaaactca a 11

<210> 448
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 448
atcgactac t 11

<210> 449
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 449
cctgtaatct g 11

<210> 450
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 450
cttgtagttc c 11

<210> 451
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 451
atacaataaa a 11

<210> 452
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 452
tgattctggt t 11

<210> 453
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 453
atttgtcca g 11

<210> 454
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 454
agctgggttg g 11

<210> 455
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 455
gggctacgtc c 11

<210> 456
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 456
tgctgcctgt t 11

<210> 457
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 457
cccccaatgc t 11

<210> 458
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 458
aaagcagcac a 11

<210> 459
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 459
tggtactgg c 11

<210> 460
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 460
gcgagtctcc g 11

<210> 461
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 461
tgccccttgc c 11

<210> 462
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 462
gcagggcctc a 11

<210> 463
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 463

gcgaaaccca g	11
<210> 464	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 464	
acagcggcaa t	11
<210> 465	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 465	
ccctaccctg t	11
<210> 466	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 466	
cacacgggcg a	11
<210> 467	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 467	
ccccaggctg c	11
<210> 468	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 468	
acaaactgtg g	11
<210> 469	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 469	
gaccaccttt a	11
<210> 470	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 470	
gcagctaatt t	11
<210> 471	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 471 gaatcgggta t	11
<210> 472 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 472 gcagctcagg c	11
<210> 473 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 473 gcaggtcagc c	11
<210> 474 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 474 taaactattg g	11
<210> 475 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 475 agagcaagta c	11
<210> 476 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 476 gtgagcaaga c	11
<210> 477 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 477 cggctgaatt c	11
<210> 478 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 478 gctccactgg a	11
<210> 479 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 479 caaaatcttg a	11
<210> 480 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 480 ggacagatgt a	11
<210> 481 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 481 gggggtggat g	11
<210> 482 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 482 agtatgacct a	11
<210> 483 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 483 acaaagggcc c	11
<210> 484 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 484 ggccagtaac a	11
<210> 485 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 485 tacatcagta a	11
<210> 486 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 486 cggctgcccc c	11
<210> 487 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 487
tggcagtctg c 11

<210> 488
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 488
gagctggtga a 11

<210> 489
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 489
tggcagcttt t 11

<210> 490
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 490
aagctggagg a 11

<210> 491
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 491
gcttccatct t 11

<210> 492
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 492
gagtgaacc c 11

<210> 493
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 493
tggatcctag a 11

<210> 494
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 494
tatgtgattt g 11

<210> 495
<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 495
gggacgagtg a 11

<210> 496
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 496
attgtttcaa g 11

<210> 497
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 497
tttcagtggg t 11

<210> 498
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 498
gtgaaactct t 11

<210> 499
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 499
ctggtggcca c 11

<210> 500
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 500
taaacgtggc a 11

<210> 501
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 501
gtggctcata c 11

<210> 502
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 502
caaactcaaa a 11

<210> 503

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 503
gtgagacccc t 11

<210> 504
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 504
cctgtagtca c 11

<210> 505
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 505
cacttgtaat c 11

<210> 506
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 506
ttcagttgct t 11

<210> 507
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 507
ttgacacttt c 11

<210> 508
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 508
gagtagctga g 11

<210> 509
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 509
tcctgaccac c 11

<210> 510
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 510
ccactggact c 11

<210> 511
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 511
gtgcggtacc t 11

<210> 512
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 512
gtgagaactc g 11

<210> 513
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 513
agaccctgtc t 11

<210> 514
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 514
gcggctgaca g 11

<210> 515
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 515
agcgagagag g 11

<210> 516
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 516
agccaccacc c 11

<210> 517
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 517
ttaaactcta a 11

<210> 518
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 518
aacacaggag g 11

<210> 519
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 519
agatcagttg a 11

<210> 520
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 520
aatcattgag g 11

<210> 521
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 521
taacttaagc a 11

<210> 522
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 522
cgactgcact c 11

<210> 523
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 523
aggagtcgac a 11

<210> 524
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 524
aaatatgagc t 11

<210> 525
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 525
aagtgattct g 11

<210> 526
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 526

gagcttttga a	11
<210> 527	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> . 527	
gactgttgct g	11
<210> 528	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 528	
accattctgc t	11
<210> 529	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 529	
tggaccccc g	11
<210> 530	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 530	
gtgccaaaca c	11
<210> 531	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 531	
cactttacca g	11
<210> 532	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 532	
tggtctgatt t	11
<210> 533	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 533	
tctaaaaagg c	11
<210> 534	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 534 cctctgtctc c	11
<210> 535 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 535 gctcagatcg g	11
<210> 536 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 536 gccaacagca t	11
<210> 537 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 537 cggaacaccg t	11
<210> 538 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 538 gaaacaaaat g	11
<210> 539 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 539 cactcgtgtg a	11
<210> 540 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 540 cccggcccaa a	11
<210> 541 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 541 gtgcctaggg a	11
<210> 542 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 542
ctgctgctgg t 11

<210> 543
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 543
gctcgtggtc a 11

<210> 544
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 544
gtggctcatt c 11

<210> 545
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 545
cctgtgtgca t 11

<210> 546
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 546
tgtaaaaaaa a 11

<210> 547
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 547
gaaaataaag t 11

<210> 548
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 548
cagagttgta t 11

<210> 549
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 549
ggtagcctgg g 11

<210> 550
<211> 11
<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 550
gcggaacctc a

11

<210> 551
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 551
ggaggtggga g

11

<210> 552
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 552
ggccctaggc a

11

<210> 553
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 553
gtgacctcct t

11

<210> 554
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 554
caactaattc a

11

<210> 555
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 555
cccttagctt t

11

<210> 556
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 556
agggagcaga g

11

<210> 557
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 557
ggagtgtgct c

11

<210> 558
<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 558
cggcagagct g 11

<210> 559
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 559
gtacaaaagt a 11

<210> 560
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 560
cgtggggtgg c 11

<210> 561
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 561
tttacaagtt a 11

<210> 562
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 562
aggagctgct g 11

<210> 563
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 563
ggtgaccacc a 11

<210> 564
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 564
ccactcctcc a 11

<210> 565
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 565
taaaatactc c 11

<210> 566

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 566
ttttgaagca g 11

<210> 567
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 567
ctgcctcctt a 11

<210> 568
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 568
gtgtcctcct c 11

<210> 569
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 569
cgcaagctgg t 11

<210> 570
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 570
aggggccggg g 11

<210> 571
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 571
ctcacttttt t 11

<210> 572
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 572
tggctcctcc c 11

<210> 573
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 573
ttttctgaaa a 11

<210> 574
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 574
gtggcagaga c 11

<210> 575
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 575
tggttttggc a 11

<210> 576
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 576
taccccacct t 11

<210> 577
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 577
tctgtcctca g 11

<210> 578
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 578
cacagagtcc t 11

<210> 579
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 579
ggccctgagc g 11

<210> 580
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 580
gaggccatcc c 11

<210> 581
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 581
ttgtgatgta a 11

<210> 582
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 582
gagtcacctgg t 11

<210> 583
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 583
cacacacaca c 11

<210> 584
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 584
gctcacacct g 11

<210> 585
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 585
tgattgattt g 11

<210> 586
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 586
aaatgcgaac a 11

<210> 587
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 587
tagttgtagg g 11

<210> 588
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 588
ggccccggac c 11

<210> 589
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 589

gggcccaggg g	11
<210> 590	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 590	
taaactgaaa a	11
<210> 591	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 591	
gcttttattc a	11
<210> 592	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 592	
tactggttta t	11
<210> 593	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 593	
gcagttggat c	11
<210> 594	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 594	
accttcaaaa a	11
<210> 595	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 595	
gacagtgtgg g	11
<210> 596	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 596	
aaaccagggc c	11
<210> 597	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 597	
ctgaggggtgg t	11
<210> 598	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 598	
ctcggaggcc t	11
<210> 599	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 599	
tgaatgatac g	11
<210> 600	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 600	
gctgcccttg a	11
<210> 601	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 601	
tgatgttcca c	11
<210> 602	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 602	
gtgtcggctg t	11
<210> 603	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 603	
aagtcattca g	11
<210> 604	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 604	
gcgaaaaccc c	11
<210> 605	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 605 gtggcacttg c	11
<210> 606 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 606 cctgtatccc a	11
<210> 607 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 607 cctccccgt c	11
<210> 608 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 608 gcccctgcgc a	11
<210> 609 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 609 gtggctcagg c	11
<210> 610 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 610 gggccctggc c	11
<210> 611 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 611 gagttggcag t	11
<210> 612 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 612 tggctgtgtg g	11
<210> 613 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 613
ttctttttct t

11

<210> 614

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 614
gttccagcag c

11

<210> 615

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 615
tctccaggaa c

11

<210> 616

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 616
taatcccagc a

11

<210> 617

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 617
cctctaattcc c

11

<210> 618

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 618
agttcgagac c

11

<210> 619

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 619
aagtgaggag a

11

<210> 620

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 620
gctgggaggg g

11

<210> 621

<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 621
gtggctgaca c 11

<210> 622
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 622
ttacagtctt a 11

<210> 623
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 623
tagctctatg g 11

<210> 624
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 624
ggggccccct c 11

<210> 625
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 625
ccgctgatcc a 11

<210> 626
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 626
gggaaacagg t 11

<210> 627
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 627
aaatacagca g 11

<210> 628
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 628
aaaaaaaaa g 11

<210> 629

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 629
ctgggtctcc a 11

<210> 630
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 630
aggaaggaac a 11

<210> 631
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 631
gcacgcgtaa c 11

<210> 632
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 632
atttcaagat g 11

<210> 633
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 633
gctggcaggc c 11

<210> 634
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 634
tcaataaaac c 11

<210> 635
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 635
tcttccccag t 11

<210> 636
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 636
atggtgggca c 11

<210> 637
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 637
gtttctatca a 11

<210> 638
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 638
gtggcacctg c 11

<210> 639
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 639
actgcagagc g 11

<210> 640
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 640
ctctgccctc c 11

<210> 641
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 641
gaccgcggct t 11

<210> 642
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 642
tttgggtgtt g 11

<210> 643
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 643
ggaaggacag a 11

<210> 644
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 644
aagataatgc c 11

<210> 645
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 645
gatgctgcca a 11

<210> 646
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 646
actgcccgt g 11

<210> 647
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 647
gtgaaacccg g 11

<210> 648
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 648
atgtactctg g 11

<210> 649
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 649
ttcttgTTTT g 11

<210> 650
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 650
gcgagaccct g 11

<210> 651
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 651
gggtcaaaag g 11

<210> 652
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 652

tggagaagag c 11

<210> 653
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 653
aaatcaatac a 11

<210> 654
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 654
tgctttggga t 11

<210> 655
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 655
tccgtggttg g 11

<210> 656
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 656
caagggttaag a 11

<210> 657
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 657
tttgcaattg t 11

<210> 658
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 658
cagcccaacc g 11

<210> 659
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 659
atgaaccgca g 11

<210> 660
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 660 gcccagcggc c	11
<210> 661 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 661 atggcacgtg c	11
<210> 662 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 662 tctctttttc t	11
<210> 663 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 663 cctgtcctgc a	11
<210> 664 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 664 ctgagagctg g	11
<210> 665 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 665 agtctgatgt t	11
<210> 666 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 666 ctaaaaaaaa a	11
<210> 667 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 667 tgtgctaaat g	11
<210> 668 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 668 taccatcaat a	11
<210> 669 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 669 cccgtaatcc c	11
<210> 670 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 670 agaaccttcc a	11
<210> 671 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 671 gtggcgcaca c	11
<210> 672 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 672 gcctaccgga g	11
<210> 673 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 673 gtggcgtgtg c	11
<210> 674 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 674 ctaaccagac a	11
<210> 675 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 675 actgggtcta t	11
<210> 676 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 676

gccagccagt g

11

<210> 677

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 677

gcccctgctg a

11

<210> 678

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 678

ggcgacagag c

11

<210> 679

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 679

taacagccag g

11

<210> 680

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 680

ggcccctcac c

11

<210> 681

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 681

gttctggttt a

11

<210> 682

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 682

tcaaaaaaaaa a

11

<210> 683

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 683

cacttgccct a

11

<210> 684

<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 684
caataaactg a 11

<210> 685
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 685
ccattgcact g 11

<210> 686
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 686
taaacctgct g 11

<210> 687
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 687
ccaccgcact c 11

<210> 688
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 688
agcctttggt g 11

<210> 689
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 689
cgcagtgtcc t 11

<210> 690
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 690
gtggagggca c 11

<210> 691
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 691
tttgctctcc c 11

<210> 692

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 692
caggccccac c 11

<210> 693
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 693
tggccagctc c 11

<210> 694
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 694
ccgtgactct g 11

<210> 695
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 695
aataaattcc t 11

<210> 696
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 696
catctgtact c 11

<210> 697
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 697
atcgctttct a 11

<210> 698
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 698
caaaaaaaaaa a 11

<210> 699
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 699
tctgcaatga a 11

<210> 700
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 700
gcttaacctg g 11

<210> 701
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 701
atgagctgac c 11

<210> 702
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 702
actaccataa c 11

<210> 703
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 703
cattgtaaat a 11

<210> 704
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 704
cggataacca g 11

<210> 705
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 705
gctcccagac t 11

<210> 706
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 706
gcctgcagtc t 11

<210> 707
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 707
cctgtagccc c 11

<210> 708
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 708
ccggtaatcc c 11

<210> 709
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 709
cttcctgtga t 11

<210> 710
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 710
ccagtaatcc c 11

<210> 711
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 711
acactgcact c 11

<210> 712
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 712
gtgggttggc t 11

<210> 713
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 713
aacgcgaaca c 11

<210> 714
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 714
gccaggagct a 11

<210> 715
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 715

ggaaaaaaaa a	11
<210> 716	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 716	
tatgacttaa t	11
<210> 717	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 717	
gccaaggggc c	11
<210> 718	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 718	
aaaaataaag g	11
<210> 719	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 719	
attatatttc t	11
<210> 720	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 720	
gcgaaactcc a	11
<210> 721	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 721	
gcgctggagt g	11
<210> 722	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 722	
ctgacctgtg t	11
<210> 723	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 723 atccgcgagg c	11
<210> 724 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 724 acctccactg g	11
<210> 725 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 725 taccctagaa c	11
<210> 726 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 726 atcatagctc a	11
<210> 727 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 727 tctataatcc c	11
<210> 728 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 728 gaataaatgt t	11
<210> 729 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 729 cttgagcaat a	11
<210> 730 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 730 agccctccct g	11
<210> 731 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 731 ctaccaggcc t	11
<210> 732 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 732 gcgaaacctc a	11
<210> 733 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 733 gactctgaaa a	11
<210> 734 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 734 gtttggcagt g	11
<210> 735 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 735 agacctcctt c	11
<210> 736 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 736 ggaaggagg c	11
<210> 737 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 737 tttgtgactg t	11
<210> 738 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 738 agtgggtggct a	11
<210> 739 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 739
agaacaaaaac c

11

<210> 740

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 740
gctggatgcg g

11

<210> 741

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 741
ccaggaggaa t

11

<210> 742

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 742
caccacaaca a

11

<210> 743

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 743
gtctgacccc a

11

<210> 744

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 744
aagcgctctc g

11

<210> 745

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 745
atccgcctgc c

11

<210> 746

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 746
cttgtgtgta g

11

<210> 747

<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 747
tgctaaaaaa a 11

<210> 748
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 748
atccgtgccc t 11

<210> 749
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 749
gtggcgtgcg c 11

<210> 750
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 750
cctttgtctt t 11

<210> 751
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 751
gcaacagcaa t 11

<210> 752
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 752
gcctgggact c 11

<210> 753
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 753
ctctagagaa a 11

<210> 754
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 754
ccctcctgct c 11

<210> 755

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 755
aaggtggagt g 11

<210> 756
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 756
aacaaggtga g 11

<210> 757
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 757
actgaaggcg c 11

<210> 758
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 758
ctaatttaac t 11

<210> 759
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 759
gccttgatct c 11

<210> 760
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 760
cctccctgct c 11

<210> 761
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 761
gagcctggat a 11

<210> 762
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 762
tttacagctg g 11

<210> 763
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 763
gctttacttt g 11

<210> 764
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 764
acctagccac t 11

<210> 765
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 765
gacctcctgc c 11

<210> 766
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 766
ctcatatggt a 11

<210> 767
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 767
ttatacaaaa a 11

<210> 768
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 768
gcccccccg t 11

<210> 769
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 769
ctttgatgtt c 11

<210> 770
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 770
cggactcact g 11

<210> 771
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 771
catttgtaaa a 11

<210> 772
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 772
cttctcaccg t 11

<210> 773
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 773
accagctgtc c 11

<210> 774
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 774
acaaaataaa a 11

<210> 775
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 775
aaacattagc c 11

<210> 776
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 776
taaattgaaaa a 11

<210> 777
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 777
gagaccctgg a 11

<210> 778
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 778

ttccctcgtg a	11
<210> 779	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 779	
aggataaaaa a	11
<210> 780	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 780	
gcaaatacctg t	11
<210> 781	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 781	
gtctcagtca t	11
<210> 782	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 782	
accagacaga c	11
<210> 783	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 783	
gttgtaaaat a	11
<210> 784	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 784	
ctcactagtg g	11
<210> 785	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 785	
aaacgaagtt g	11
<210> 786	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 786 agctcttgga g	11
<210> 787 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 787 agtcgccttc a	11
<210> 788 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 788 cgatgggtccc c	11
<210> 789 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 789 actgcttgcc c	11
<210> 790 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 790 taaaagacaa a	11
<210> 791 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 791 gactcgccca c	11
<210> 792 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 792 tatattgatt g	11
<210> 793 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 793 ctgggactga c	11
<210> 794 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 794 ctcttcgaga a	11
<210> 795 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 795 tctgtcaaga c	11
<210> 796 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 796 atgaaaagaa a	11
<210> 797 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 797 aacacatcag c	11
<210> 798 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 798 aaaacctgta a	11
<210> 799 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 799 ccttggtttt g	11
<210> 800 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 800 agtttcccaa t	11
<210> 801 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 801 gatttttaaa a	11
<210> 802 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 802
aggggattcc c

11

<210> 803

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 803
acaaatcctt g

11

<210> 804

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 804
gtgacagaca t

11

<210> 805

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 805
cagacttttt t

11

<210> 806

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 806
tgcggctggt t

11

<210> 807

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 807
ggctgccctg g

11

<210> 808

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 808
cctgtaacac c

11

<210> 809

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 809
gtttcagtta c

11

<210> 810

<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 810
ctggaaataa a 11

<210> 811
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 811
gtgatgtacg g 11

<210> 812
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 812
cagccttgga c 11

<210> 813
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 813
gtggatggac t 11

<210> 814
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 814
tgccagaaat g 11

<210> 815
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 815
aataatcctg g 11

<210> 816
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 816
ggagggatca g 11

<210> 817
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 817
ggattccagt t 11

<210> 818

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 818
taatttctca a 11

<210> 819
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 819
cctgtagacc c 11

<210> 820
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 820
ctgcaaccta a 11

<210> 821
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 821
gacggctgca a 11

<210> 822
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 822
cattgcagga t 11

<210> 823
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 823
gcagagatgg g 11

<210> 824
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 824
tcagtttgga g 11

<210> 825
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 825
atagctgggg c 11

<210> 826
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 826
cgtacagccc c 11

<210> 827
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 827
gtgaaaccgt c 11

<210> 828
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 828
attacaaacc t 11

<210> 829
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 829
aggatcactt g 11

<210> 830
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 830
cagattagtt a 11

<210> 831
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 831
aggggggagg g 11

<210> 832
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 832
atttccatta a 11

<210> 833
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 833
tcattgtaat g 11

<210> 834
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 834
gtaacaagct c 11

<210> 835
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 835
ctaataaact t 11

<210> 836
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 836
acatcctcac c 11

<210> 837
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 837
ctccaataaa a 11

<210> 838
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 838
ccactgcatt g 11

<210> 839
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 839
atttttttca g 11

<210> 840
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 840
ttctctcaac t 11

<210> 841
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 841

gtggcgagca c	11
<210> 842	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 842	
caccttctgc c	11
<210> 843	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 843	
tctctgcaaa a	11
<210> 844	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 844	
aaagggggca g	11
<210> 845	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 845	
cggaggtggg a	11
<210> 846	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 846	
taactccaaa g	11
<210> 847	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 847	
atgtccaatt t	11
<210> 848	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 848	
catccaaaac a	11
<210> 849	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 849 ggagtctaac t	11
<210> 850 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 850 tgctagattg g	11
<210> 851 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 851 gccccagcga g	11
<210> 852 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 852 ctgtgaaatg c	11
<210> 853 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 853 gatcacagtt t	11
<210> 854 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 854 gtgaaacacc a	11
<210> 855 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 855 atccacctgc c	11
<210> 856 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 856 gaggccagtg a	11
<210> 857 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 857 aagtacgagg a	11
<210> 858 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 858 cctactgcac t	11
<210> 859 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 859 ttctctgctc a	11
<210> 860 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 860 tacgttgcac c	11
<210> 861 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 861 taccaaggat t	11
<210> 862 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 862 ctgtagaaat g	11
<210> 863 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 863 gtgaaaccct t	11
<210> 864 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 864 actgctgaac c	11
<210> 865 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 865
ttgcggagcc c 11

<210> 866
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 866
tgccgtaaat g 11

<210> 867
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 867
atcagtgtgc a 11

<210> 868
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 868
accagccaaa g 11

<210> 869
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 869
aacagatatt g 11

<210> 870
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 870
ttggcaaggc t 11

<210> 871
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 871
tctggggaac a 11

<210> 872
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 872
gctctcggcg g 11

<210> 873
<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 873
ggactgagtc a 11

<210> 874
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 874
gagcacttgg g 11

<210> 875
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 875
ttttgtgtga a 11

<210> 876
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 876
cctgtaattg c 11

<210> 877
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 877
acccccttcc t 11

<210> 878
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 878
gcctgggacc t 11

<210> 879
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 879
aggaaaaaaaa a 11

<210> 880
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 880
gtttggagct g 11

<210> 881

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 881
ggcaacaaaa g 11

<210> 882
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 882
ttccataccc c 11

<210> 883
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 883
caacttagtt t 11

<210> 884
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 884
gcatattaaa a 11

<210> 885
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 885
gactctctca g 11

<210> 886
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 886
tatcccagaa t 11

<210> 887
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 887
tgaactttcc t 11

<210> 888
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 888
gaaatgggga a 11

<210> 889
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 889
tactaaaaaa g 11

<210> 890
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 890
aactggctgc t 11

<210> 891
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 891
tggaatgaa a 11

<210> 892
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 892
tgagggatgg a 11

<210> 893
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 893
cagtggggtt a 11

<210> 894
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 894
gagggtcca g 11

<210> 895
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 895
acccatcgcc t 11

<210> 896
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 896
cactgtgtgt a 11

<210> 897
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 897
aggcagaggt t 11

<210> 898
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 898
ttctggaccc a 11

<210> 899
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 899
atggccatag a 11

<210> 900
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 900
gcggggagggc t 11

<210> 901
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 901
aggcattgaa a 11

<210> 902
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 902
gtctttcttg g 11

<210> 903
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 903
gcaaaaccag c 11

<210> 904
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 904

tgaagtaaca a	11
<210> 905	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 905	
caattaaaag g	11
<210> 906	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 906	
tttgaggatt g	11
<210> 907	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 907	
gagtagagaa a	11
<210> 908	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 908	
aagccagccc c	11
<210> 909	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 909	
tatctggtct t	11
<210> 910	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 910	
gttctccac t	11
<210> 911	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 911	
ccgagttttt g	11
<210> 912	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 912 tggaagggca c	11
<210> 913 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 913 aaggcgtttc c	11
<210> 914 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 914 tgccttagta a	11
<210> 915 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 915 tttctggagg t	11
<210> 916 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 916 cctggccaaa a	11
<210> 917 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 917 cagaataatg t	11
<210> 918 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 918 cggggacgag g	11
<210> 919 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 919 acagccgtgg g	11
<210> 920 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 920 agtctcccct a	11
<210> 921 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 921 tgatgtgatc a	11
<210> 922 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 922 accaggccac c	11
<210> 923 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 923 tccttctcca c	11
<210> 924 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 924 aatgaataaa a	11
<210> 925 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 925 gatggggaca a	11
<210> 926 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 926 ttgggaggct g	11
<210> 927 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 927 ccttatattt g	11
<210> 928 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 928
cagcagaact g

11

<210> 929
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 929
ccaccacacc c

11

<210> 930
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 930
actcgctctg t

11

<210> 931
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 931
agtatctggg a

11

<210> 932
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 932
aatgaaaaaa a

11

<210> 933
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 933
tagttggaac t

11

<210> 934
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 934
aacccaaact c

11

<210> 935
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 935
gaggcctcag c

11

<210> 936
<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 936
tttgttaaaa c 11

<210> 937
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 937
ttcagcggtt c 11

<210> 938
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 938
gccagacccc t 11

<210> 939
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 939
gctggctggc t 11

<210> 940
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 940
gttgggagtc c 11

<210> 941
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 941
tcttctaaaa a 11

<210> 942
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 942
agaaagaatc t 11

<210> 943
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 943
cccatctagc t 11

<210> 944

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 944
tctgcaagca g 11

<210> 945
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 945
aaagaacata g 11

<210> 946
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 946
ggcaaaacttt a 11

<210> 947
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 947
aggacataa a 11

<210> 948
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 948
taaagatcct c 11

<210> 949
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 949
tcaagccatc a 11

<210> 950
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 950
cctggctaata t 11

<210> 951
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 951
gctgtaatcc c 11

<210> 952
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 952
aagcacaaaa a 11

<210> 953
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 953
cccacttgta a 11

<210> 954
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 954
gcttggatct c 11

<210> 955
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 955
ccactgctct c 11

<210> 956
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 956
ttggccagac t 11

<210> 957
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 957
aggtcctagc c 11

<210> 958
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 958
gtggtgtacg c 11

<210> 959
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 959
agcccaggag g 11

<210> 960
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 960
cagatctttg t 11

<210> 961
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 961
ccgtggtcgt g 11

<210> 962
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 962
agaccaaagt g 11

<210> 963
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 963
tgagtctggc t 11

<210> 964
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 964
gcaaaactct g 11

<210> 965
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 965
ccagctgcca a 11

<210> 966
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 966
gcgaaatccc g 11

<210> 967
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 967

aaggatgccca a	11
<210> 968	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 968	
cagctatttc a	11
<210> 969	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 969	
gaattatact t	11
<210> 970	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 970	
ggagggggct t	11
<210> 971	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 971	
aaggagatgg g	11
<210> 972	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 972	
ggaggtggg c	11
<210> 973	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 973	
gaaaacaaag t	11
<210> 974	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 974	
ttggcttttc t	11
<210> 975	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 975 gtgaagcccc a	11
<210> 976 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 976 atggcaacag a	11
<210> 977 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 977 cgggagcgct a	11
<210> 978 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 978 tgtgatcaga c	11
<210> 979 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 979 cttctccaaa a	11
<210> 980 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 980 cagttttttt c	11
<210> 981 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 981 tcagagaata a	11
<210> 982 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 982 tgggtcattt g	11
<210> 983 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 983 aggttttcctc c	11
<210> 984 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 984 aacggggccc t	11
<210> 985 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 985 cttagcccca g	11
<210> 986 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 986 cctgggtcaag a	11
<210> 987 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 987 tacccttga a	11
<210> 988 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 988 ttttgttttg t	11
<210> 989 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 989 tttgcttga t	11
<210> 990 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 990 ttattccaca a	11
<210> 991 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 991
gtctcatttg a

11

<210> 992

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 992
gtggtcaagt t

11

<210> 993

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 993
cacaccctg a

11

<210> 994

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 994
aatgaatgaa a

11

<210> 995

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 995
atgcgaaagg c

11

<210> 996

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 996
agcacgaccc g

11

<210> 997

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 997
gcaataaatg g

11

<210> 998

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 998
ggggcttagg a

11

<210> 999

<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 999
gttaaatacct g 11

<210> 1000
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1000
gacttctgtc c 11

<210> 1001
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1001
gcacaatggg a 11

<210> 1002
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1002
gagcgcagcg a 11

<210> 1003
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1003
caggcttttt g 11

<210> 1004
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1004
acacttcttt c 11

<210> 1005
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1005
tacagtattt t 11

<210> 1006
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1006
cagcccctct t 11

<210> 1007

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1007
aaaaggcact t 11

<210> 1008
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1008
accataatgt g 11

<210> 1009
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1009
gggccccctg g 11

<210> 1010
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1010
tcagaaaaaa a 11

<210> 1011
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1011
aaaacattat g 11

<210> 1012
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1012
gctccgtaag g 11

<210> 1013
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1013
agtaaaccat c 11

<210> 1014
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1014
gaaatttgaa a 11

<210> 1015
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1015
cactcaataa a 11

<210> 1016
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1016
atactttaat c 11

<210> 1017
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1017
cagggtgaag t 11

<210> 1018
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1018
ctgcttcctg a 11

<210> 1019
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1019
ctttgcactc t 11

<210> 1020
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1020
tgggcgcctt t 11

<210> 1021
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1021
ttttcctttt g 11

<210> 1022
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1022
ctggggggaa g 11

<210> 1023
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1023
gattgtgcaa g 11

<210> 1024
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1024
gccctgtagt t 11

<210> 1025
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1025
tgacaatttt g 11

<210> 1026
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1026
gatgtattct a 11

<210> 1027
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1027
tatttttcta g 11

<210> 1028
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1028
ctggatctgg g 11

<210> 1029
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1029
tattttgtga g 11

<210> 1030
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1030

ttgtttaatt t	11
<210> 1031	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1031	
cgttcctgcg g	11
<210> 1032	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1032	
cactcagtgt g	11
<210> 1033	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1033	
gctaggtctg g	11
<210> 1034	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1034	
ggaagagcac t	11
<210> 1035	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1035	
atgcagccat a	11
<210> 1036	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1036	
catctgtgag c	11
<210> 1037	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1037	
cacttttggg c	11
<210> 1038	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 1038 attttgtgtc a	11
<210> 1039 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1039 gccgggtggg c	11
<210> 1040 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1040 catcctgctg c	11
<210> 1041 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1041 gctgtataat t	11
<210> 1042 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1042 ggaaccaggt c	11
<210> 1043 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1043 aaaaagaaac t	11
<210> 1044 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1044 tctgtatccc c	11
<210> 1045 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1045 cactggacga g	11
<210> 1046 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 1046 caaataaaat g	11
<210> 1047 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1047 tgtcaaaaaa a	11
<210> 1048 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1048 atgtcgtggt c	11
<210> 1049 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1049 tctttacttg a	11
<210> 1050 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1050 tgcctggaac t	11
<210> 1051 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1051 gggctctgag c	11
<210> 1052 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1052 ttggactgag c	11
<210> 1053 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1053 atgcagttca a	11
<210> 1054 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 1054
attgagccac a

11

<210> 1055

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1055

tgtttcagga t

11

<210> 1056

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1056

cctgcctcgt a

11

<210> 1057

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1057

aataggggaa a

11

<210> 1058

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1058

gccgagacca a

11

<210> 1059

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1059

ttcaggagg g

11

<210> 1060

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1060

ttgttatatt g

11

<210> 1061

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1061

tgagttttac a

11

<210> 1062

<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1062
tgcttattga a 11

<210> 1063
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1063
agtcaagccc c 11

<210> 1064
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1064
gtattcctaa a 11

<210> 1065
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1065
agccgggctt t 11

<210> 1066
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1066
cctctctggt c 11

<210> 1067
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1067
agtgtgttgc a 11

<210> 1068
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1068
tcaggcattt t 11

<210> 1069
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1069
tgtgtgtgac a 11

<210> 1070

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1070
tgcagaccca t 11

<210> 1071
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1071
taattttttac t 11

<210> 1072
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1072
attgtttctt g 11

<210> 1073
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1073
cttttgtttg g 11

<210> 1074
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1074
gtcttaactc a 11

<210> 1075
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1075
taataaagca t 11

<210> 1076
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1076
ccacgcactg t 11

<210> 1077
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1077
actcacgatt g 11

<210> 1078
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1078
taaccaatca g 11

<210> 1079
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1079
ggcctctgat g 11

<210> 1080
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1080
cccaattttc a 11

<210> 1081
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1081
tttgttgaat g 11

<210> 1082
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1082
tctttgctct t 11

<210> 1083
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1083
aggacttctg a 11

<210> 1084
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1084
ataataaagc t 11

<210> 1085
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1085
cttttcatca t 11

<210> 1086
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1086
tggtccctct c 11

<210> 1087
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1087
tctagtcact g 11

<210> 1088
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1088
gactgctctg g 11

<210> 1089
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1089
gggaaagagg g 11

<210> 1090
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1090
gagctccaca g 11

<210> 1091
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1091
tatgaaaaca t 11

<210> 1092
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1092
gccacgttgt c 11

<210> 1093
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1093

tcctctacct g	11
<210> 1094	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1094	
ggagcagacg c	11
<210> 1095	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1095	
aatattttta t	11
<210> 1096	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1096	
gagagcctgc c	11
<210> 1097	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1097	
ggcattgttc a	11
<210> 1098	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1098	
gaaatggcag t	11
<210> 1099	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1099	
ttaccaaagc a	11
<210> 1100	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1100	
gtattggcct t	11
<210> 1101	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 1101 gtgtaaattgg a	11
<210> 1102 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1102 ttcacattgt c	11
<210> 1103 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1103 cagctcatct a	11
<210> 1104 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1104 aaacccaat a	11
<210> 1105 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1105 tcatttggtg t	11
<210> 1106 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1106 actgtggact g	11
<210> 1107 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1107 actgaggtgc c	11
<210> 1108 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1108 agagaagaat g	11
<210> 1109 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 1109 ctggaggcac a	11
<210> 1110 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1110 gagccaacaa t	11
<210> 1111 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1111 aggattgttt g	11
<210> 1112 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1112 atgtatgggg a	11
<210> 1113 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1113 ttgtaataaa a	11
<210> 1114 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1114 atgaaaccct a	11
<210> 1115 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1115 acgtggtgat g	11
<210> 1116 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1116 gaaatccgca c	11
<210> 1117 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 1117
ctttactgtg t

11

<210> 1118

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1118
tgtgttgtgt c

11

<210> 1119

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1119
tgagatttct t

11

<210> 1120

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1120
gtaaagattt g

11

<210> 1121

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1121
gtcggacact g

11

<210> 1122

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1122
gctgggcgcg g

11

<210> 1123

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1123
cttghtaatct c

11

<210> 1124

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1124
gtgggtgtcc t

11

<210> 1125

<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1125
ggcaatgcag t 11

<210> 1126
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1126
gtataaaaaa a 11

<210> 1127
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1127
acacctctaa a 11

<210> 1128
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1128
cacctgtagt t 11

<210> 1129
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1129
tcactccagc c 11

<210> 1130
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1130
tgtacatatg t 11

<210> 1131
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1131
gctctgtaag c 11

<210> 1132
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1132
aatgtccagt a 11

<210> 1133

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1133
ttggttaagcc t 11

<210> 1134
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1134
tctggctaata t 11

<210> 1135
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1135
tgttaatggtt a 11

<210> 1136
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1136
tctgtaaacac c 11

<210> 1137
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1137
gggggtttggt t 11

<210> 1138
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1138
acatagtctg a 11

<210> 1139
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1139
cggataaggc c 11

<210> 1140
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1140
atctgaagca a 11

<210> 1141
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1141
aaaggcatca g 11

<210> 1142
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1142
cccgccagtg c 11

<210> 1143
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1143
tatgctgaaa t 11

<210> 1144
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1144
aggagcgggg t 11

<210> 1145
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1145
ttcacttcaa c 11

<210> 1146
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1146
ttgtatcaga a 11

<210> 1147
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1147
aggtatatat c 11

<210> 1148
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1148
atggaaagga a 11

<210> 1149
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1149
cctccagcta c 11

<210> 1150
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1150
tatctagctg c 11

<210> 1151
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1151
gctgtaatcc t 11

<210> 1152
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1152
tgaagagact t 11

<210> 1153
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1153
ggaccaccca a 11

<210> 1154
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1154
atcctactgt t 11

<210> 1155
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1155
cttaggagtc a 11

<210> 1156
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1156

ggtgacagaa c	11
<210> 1157	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1157	
tgccaccacg c	11
<210> 1158	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1158	
ggcttgtcta t	11
<210> 1159	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1159	
aaactgggag g	11
<210> 1160	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1160	
aaccgggga g	11
<210> 1161	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1161	
ttctctctt t	11
<210> 1162	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1162	
ccaatgttgt t	11
<210> 1163	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1163	
cagctcttag g	11
<210> 1164	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 1164 gaagtgctgc t	11
<210> 1165 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1165 gaatgttttt t	11
<210> 1166 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1166 tacatccgaa t	11
<210> 1167 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1167 gcgaaccccc c	11
<210> 1168 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1168 ccctcactcc t	11
<210> 1169 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1169 tgcaggtgtg t	11
<210> 1170 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1170 gctaacttaa a	11
<210> 1171 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1171 aagtttatag a	11
<210> 1172 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 1172 agacgcttct g	11
<210> 1173 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1173 ccactgcacg c	11
<210> 1174 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1174 taaccaaata c	11
<210> 1175 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1175 tattccccac c	11
<210> 1176 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1176 tgactgtatt a	11
<210> 1177 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1177 tttttcttaa a	11
<210> 1178 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1178 cactgcatat g	11
<210> 1179 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1179 ccctgaatga a	11
<210> 1180 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 1180

ttggccaaga t

11

<210> 1181

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1181

tacaaaagtg g

11

<210> 1182

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1182

tgctcagtgg t

11

<210> 1183

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1183

cccccaattc t

11

<210> 1184

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1184

tgagcacata a

11

<210> 1185

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1185

ttccagctgc t

11

<210> 1186

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1186

ccactccact c

11

<210> 1187

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1187

caattgtaaa t

11

<210> 1188

<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1188
aagaactaaa a 11

<210> 1189
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1189
ggggtacccc t 11

<210> 1190
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1190
ccctgaatcc c 11

<210> 1191
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1191
aaaacagtgg c 11

<210> 1192
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1192
cagcatctaa t 11

<210> 1193
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1193
ccactgtact t 11

<210> 1194
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1194
ccttgaaatc a 11

<210> 1195
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1195
gcagtcatac a 11

<210> 1196

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1196
aaaggttggt t 11

<210> 1197
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1197
gctctgttca t 11

<210> 1198
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1198
gctcaggtct g 11

<210> 1199
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1199
gtgaaaaaaaa a 11

<210> 1200
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1200
tgatgtgata g 11

<210> 1201
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1201
tttctgtatg t 11

<210> 1202
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1202
aaatcaggaa c 11

<210> 1203
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1203
agttgaaatt c 11

<210>	1204	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo sapiens	
<400>	1204	
	agtgccttgg g	11
<210>	1205	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo sapiens	
<400>	1205	
	gcttggctcc c	11
<210>	1206	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo sapiens	
<400>	1206	
	cacatcctta c	11
<210>	1207	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo sapiens	
<400>	1207	
	atagaggcaa t	11
<210>	1208	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo sapiens	
<400>	1208	
	ccgttctgga t	11
<210>	1209	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo sapiens	
<400>	1209	
	tgccaggacc t	11
<210>	1210	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo sapiens	
<400>	1210	
	gaaggcttat c	11
<210>	1211	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo sapiens	
<400>	1211	
	aatgagcaac t	11

<210> 1212
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1212
ttttgctaca g 11

<210> 1213
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1213
taattcttct c 11

<210> 1214
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1214
ttctaatttt t 11

<210> 1215
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1215
atgataatta a 11

<210> 1216
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1216
ttcttgctta a 11

<210> 1217
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1217
cgaggggggc g 11

<210> 1218
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1218
ctcctgtggt c 11

<210> 1219
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1219

gatctgtttc t	11
<210> 1220	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1220	
aagattgggg t	11
<210> 1221	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1221	
taaccaaaaa c	11
<210> 1222	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1222	
gattcaacca a	11
<210> 1223	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1223	
ttctgtgcat a	11
<210> 1224	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1224	
cataaccttc c	11
<210> 1225	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1225	
ataaataaat t	11
<210> 1226	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1226	
gctaggtatt t	11
<210> 1227	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 1227 ctttgattta t	11
<210> 1228 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1228 acagccctga t	11
<210> 1229 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1229 gctcactgca a	11
<210> 1230 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1230 ttgaatatta a	11
<210> 1231 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1231 gggatggcag c	11
<210> 1232 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1232 agctgggatg g	11
<210> 1233 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1233 atcgcatcac t	11
<210> 1234 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1234 acgcacatta t	11
<210> 1235 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 1235 cctcactttc t	11
<210> 1236 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1236 aagaaggcaa g	11
<210> 1237 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1237 gaatcattta t	11
<210> 1238 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1238 gactctggag a	11
<210> 1239 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1239 ggccgctgct c	11
<210> 1240 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1240 aactctgata t	11
<210> 1241 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1241 cttctcttga g	11
<210> 1242 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1242 cccctcccca g	11
<210> 1243 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 1243
tgaggacaca g

11

<210> 1244
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1244
atgtcttcgt t

11

<210> 1245
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1245
gtgcctcgga g

11

<210> 1246
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1246
cctgcagtcc c

11

<210> 1247
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1247
ttgataaata a

11

<210> 1248
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1248
cgcctgtggt c

11

<210> 1249
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1249
acctcacctg g

11

<210> 1250
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1250
gtgtctgtct c

11

<210> 1251
<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1251
ttcagtaata a 11

<210> 1252
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1252
ctttaagaaa g 11

<210> 1253
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1253
taaagtgtct g 11

<210> 1254
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1254
ggcctctccg a 11

<210> 1255
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1255
gcaccttctg g 11

<210> 1256
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1256
cattgagctc c 11

<210> 1257
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1257
tcaatcagtg a 11

<210> 1258
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1258
acctgcccct c 11

<210> 1259

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1259
gcaccttatt g 11

<210> 1260
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1260
acaacataga a 11

<210> 1261
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1261
tgctgcttga a 11

<210> 1262
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1262
ttattgttcc c 11

<210> 1263
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1263
ggtgatgagg a 11

<210> 1264
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1264
ctgaactgtg a 11

<210> 1265
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1265
aacataggaa a 11

<210> 1266
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1266
ctggtgagtg c 11

<210> 1267
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1267
gcctgggaga c 11

<210> 1268
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1268
agctgagcta a 11

<210> 1269
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1269
ccggacctgt g 11

<210> 1270
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1270
cggagccggc t 11

<210> 1271
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1271
gagaggtgat t 11

<210> 1272
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1272
aagatccttg t 11

<210> 1273
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1273
aatgaacaat a 11

<210> 1274
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1274
ttggtcaggt t 11

<210> 1275
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1275
gactctggga t 11

<210> 1276
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1276
tacacgtgag g 11

<210> 1277
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1277
agcactgcag c 11

<210> 1278
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1278
aactcccagt t 11

<210> 1279
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1279
gcataatgtt t 11

<210> 1280
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1280
cccaggacac c 11

<210> 1281
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1281
aaaggaaagt c 11

<210> 1282
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1282

aataaatgga t	11
<210> 1283	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1283	
accaacacgg g	11
<210> 1284	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1284	
cttccgggta a	11
<210> 1285	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1285	
ggagtcctag c	11
<210> 1286	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1286	
cttctgtctc c	11
<210> 1287	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1287	
tttaggggga a	11
<210> 1288	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1288	
tgtagctgca a	11
<210> 1289	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1289	
tgaaactttt c	11
<210> 1290	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 1290 ttacagagct t	11
<210> 1291 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1291 tcctttaaaa t	11
<210> 1292 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1292 ggaacttggc t	11
<210> 1293 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1293 gagaaccgta g	11
<210> 1294 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1294 tcattctgcaa a	11
<210> 1295 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1295 cataatttct c	11
<210> 1296 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1296 caatcttggtg a	11
<210> 1297 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1297 tttccttcct t	11
<210> 1298 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 1298 agacagagtg g	11
<210> 1299 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1299 tggggagagg a	11
<210> 1300 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1300 ccaccacgct t	11
<210> 1301 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1301 tgcctgtggt c	11
<210> 1302 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1302 atggcaggtg c	11
<210> 1303 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1303 aagttgctat t	11
<210> 1304 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1304 agccactgca c	11
<210> 1305 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1305 gcaaaaaaaaa a	11
<210> 1306 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 1306

gtggcacgcg c

11

<210> 1307

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1307

tctccatacc c

11

<210> 1308

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1308

atgaaacttc g

11

<210> 1309

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1309

cactactcac c

11

<210> 1310

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1310

acccttgcc a

11

<210> 1311

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1311

aaacatccta t

11

<210> 1312

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1312

gtaggggtaa a

11

<210> 1313

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1313

ttggaacaat g

11

<210> 1314

<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1314
acccgccggg c 11

<210> 1315
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1315
tggcgtagg a 11

<210> 1316
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1316
ccgacgggcg c 11

<210> 1317
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1317
ggtcagtcgg t 11

<210> 1318
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1318
tgcctagacc a 11

<210> 1319
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1319
agctgtcccc a 11

<210> 1320
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1320
atggcaggag t 11

<210> 1321
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1321
tgagaagaag c 11

<210> 1322

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1322
catttggtat t 11

<210> 1323
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1323
tactgctcgg a 11

<210> 1324
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1324
gctaggttta t 11

<210> 1325
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1325
tggtgtatgc a 11

<210> 1326
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1326
aatggatgaa c 11

<210> 1327
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1327
gtaatcctgc t 11

<210> 1328
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1328
ttgctcaggc t 11

<210> 1329
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1329
gaagtcggaa t 11

<210> 1330
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1330
agaatcgctt g 11

<210> 1331
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1331
catttgtaat a 11

<210> 1332
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1332
cttacaagca a 11

<210> 1333
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1333
ttacttatac t 11

<210> 1334
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1334
ggggtcaggg g 11

<210> 1335
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1335
aaaacattct c 11

<210> 1336
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1336
tgtgccagtg t 11

<210> 1337
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1337
catctgctga t 11

<210> 1338
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1338
ttcccccttc c 11

<210> 1339
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1339
cggttttct g 11

<210> 1340
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1340
cgccgggagc t 11

<210> 1341
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1341
ctgtgggaaa c 11

<210> 1342
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1342
gcgtcgggtgc a 11

<210> 1343
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1343
gaccagctgg c 11

<210> 1344
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1344
gtgtggtgga g 11

<210> 1345
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1345

aaagtcattg a 11

<210> 1346
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1346
acctggaggg g 11

<210> 1347
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1347
ggtaatccgt t 11

<210> 1348
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1348
gtggcgggct c 11

<210> 1349
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1349
ctgatctcga a 11

<210> 1350
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1350
ctcgggtacat t 11

<210> 1351
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1351
cagcggcggg a 11

<210> 1352
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1352
tagctgctgg t 11

<210> 1353
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1353 gtggcacatt c	11
<210> 1354 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1354 gtcagttcct g	11
<210> 1355 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1355 ggtgacagag a	11
<210> 1356 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1356 aaactttgcc t	11
<210> 1357 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1357 cagctcactg a	11
<210> 1358 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1358 atgacagatg g	11
<210> 1359 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1359 gcactctagc c	11
<210> 1360 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1360 aaatgcttgg a	11
<210> 1361 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 1361 cctctttgca t	11
<210> 1362 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1362 tgggtcccagc t	11
<210> 1363 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1363 tgaaggtggt g	11
<210> 1364 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1364 tcaacttgaa a	11
<210> 1365 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1365 gttgtcatca c	11
<210> 1366 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1366 gtggcgcacg t	11
<210> 1367 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1367 gcaccgtaag a	11
<210> 1368 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1368 gacccgggag g	11
<210> 1369 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 1369
ctgcggaaga t

11

<210> 1370

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1370
aacaggcaag a

11

<210> 1371

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1371
ggccgcgagg t

11

<210> 1372

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1372
ctaacgcagc a

11

<210> 1373

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1373
tggcctcccc g

11

<210> 1374

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1374
ggagagaaaa g

11

<210> 1375

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1375
ggactctgcc c

11

<210> 1376

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1376
gacggcgcag g

11

<210> 1377

<211> 11

<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1377
atgagatcct g 11

<210> 1378
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1378
acctggaggg t 11

<210> 1379
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1379
gtggcacgtg a 11

<210> 1380
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1380
gtagcgggcg c 11

<210> 1381
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1381
gggctgtttg g 11

<210> 1382
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1382
ggcctctgag c 11

<210> 1383
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1383
ggcagtgcc a 11

<210> 1384
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1384
gcagtgcgtg c 11

<210> 1385

<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1385
gcaaagccct g 11

<210> 1386
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1386
gatcccaaca t 11

<210> 1387
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1387
gagaaacacc g 11

<210> 1388
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1388
gacgatgtat a 11

<210> 1389
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1389
caagcattcc c 11

<210> 1390
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1390
atgaagaagg a 11

<210> 1391
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1391
agtagccgtg a 11

<210> 1392
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1392
acttgataaa t 11

<210> 1393
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1393
acccgcgagg a 11

<210> 1394
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1394
aaccagggag g 11

<210> 1395
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1395
taaccaaadc a 11

<210> 1396
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1396
gtggtggtgc c 11

<210> 1397
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1397
gtgaaactca g 11

<210> 1398
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1398
gggctcgggg a 11

<210> 1399
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1399
gcggcggtg c 11

<210> 1400
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1400
gcaaaattct g 11

<210> 1401
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1401
gaaggaggca t 11

<210> 1402
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1402
cttttaagaa a 11

<210> 1403
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1403
ctctacagtg c 11

<210> 1404
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1404
cgttttctga t 11

<210> 1405
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1405
ccccgggcct c 11

<210> 1406
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1406
ccccacccg g 11

<210> 1407
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1407
ccatcttgag g 11

<210> 1408
<211> 11
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 1408

cagaccggtg c	11
<210> 1409	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1409	
agtaacaaga t	11
<210> 1410	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1410	
agcctaggag t	11
<210> 1411	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1411	
aattaactcc g	11
<210> 1412	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1412	
gctttatttg t	11
<210> 1413	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1413	
tttatctttt a	11
<210> 1414	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1414	
tgttcctgga t	11
<210> 1415	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	
<400> 1415	
tgcgctggcc c	11
<210> 1416	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo sapiens	

<400> 1416 tcggagctgc t	11
<210> 1417 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1417 gtttccaatg c	11
<210> 1418 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1418 gttcagctgt c	11
<210> 1419 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1419 gtgggtgcaag c	11
<210> 1420 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1420 gtgggtgagta c	11
<210> 1421 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1421 gtgagcccat t	11
<210> 1422 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1422 ggctatgcc a	11
<210> 1423 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1423 ggcagctggc a	11
<210> 1424 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	

<400> 1424 ggcagacaat c	11
<210> 1425 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1425 gctaaaaaca a	11
<210> 1426 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1426 gcagctacgg c	11
<210> 1427 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1427 gatcttctcg g	11
<210> 1428 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1428 gaggagtcca t	11
<210> 1429 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1429 gaccacacac c	11
<210> 1430 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1430 cggtcattct c	11
<210> 1431 <211> 11 <212> DNA <213> Homo sapiens	
<400> 1431 cctatggtcc c	11
<210> 1432 <211> 11 <212> DNA	

<213> Homo sapiens

<400> 1432
cctatagtct c

11

<210> 1433

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1433
ccctgttgat a

11

<210> 1434

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1434
ccagtgaata g

11

<210> 1435

<211> 11

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1435
ccactgcacc a

11

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
11. Juli 2002 (11.07.2002)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 02/053773 A3

(51) Internationale Patentklassifikation⁷: **C12Q 1/68**,
A61K 31/7088, 38/00, 7/00, A61P 17/00, G01N 33/50

[DE/DE]; Uferstrasse 48, 50996 Köln (DE). **CONRADT, Marcus** [DE/DE]; Altengrabengässchen 1a, 50668 Köln (DE). **HOFMANN, Kay** [DE/DE]; Ehrenfeldgürtel 139, 50823 Köln (DE).

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP01/15178

(22) Internationales Anmeldedatum:
20. Dezember 2001 (20.12.2001)

(81) Bestimmungsstaaten (*national*): AU, BG, BR, BY, CA, CN, CZ, DZ, HU, ID, IL, IN, JP, KR, MX, NO, NZ, PL, RO, RU, SG, SI, SK, UA, US, UZ, VN, YU, ZA.

(25) Einreichungssprache: Deutsch

(84) Bestimmungsstaaten (*regional*): europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, TR).

(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch

(30) Angaben zur Priorität:
101 00 121.5 3. Januar 2001 (03.01.2001) DE

Veröffentlicht:
— mit internationalem Recherchenbericht

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von US): **HENKEL KOMMANDITGESELLSCHAFT AUF AKTIEN** [DE/DE]; Henkelstrasse 67, 40589 Düsseldorf (DE).

(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen
Recherchenberichts: 28. August 2003

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): **PETERSOHN, Dirk**

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.

(54) Title: METHOD FOR DETERMINING SKIN STRESS OR SKIN AGEING IN VITRO

(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUR BESTIMMUNG DES HAUTSTRESS ODER DER HAUTALTERUNG IN VITRO

(57) Abstract: The invention relates to a method for determining skin stress and/or skin ageing in humans or animals in vitro, test kits and biochips for determining skin stress and/or skin ageing, and the use of proteins, mRNA molecules or fragments of proteins or mRNA molecules as skin stress and/or ageing markers. The invention also relates to a test method for demonstrating the effectiveness of cosmetic or pharmaceutical active ingredients against skin stress and/or skin ageing, a screening method for identifying cosmetic or pharmaceutical active ingredients against skin stress and/or skin ageing, and a method for producing a cosmetic and/or pharmaceutical preparation against skin stress and/or skin ageing. The invention further relates to a cosmetic or pharmaceutical preparation against skin stress and/or skin ageing.

(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Bestimmung des Hautstress und/oder der Hautalterung bei Menschen oder Tieren in vitro, Test-Kits und Biochips zur Bestimmung des Hautstress und/oder der Hautalterung sowie die Verwendung von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen als Stress- und/oder Alterungsmarker der Haut; ferner ein Testverfahren zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstress und/oder Hautalterung sowie ein Screening-Verfahren zur Identifikation von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Hautstress und/oder Hautalterung und ein Verfahren zur Herstellung einer kosmetischen oder pharmazeutischen Zubereitung gegen Hautstress und/oder Hautalterung. Des weiteren eine kosmetische oder pharmazeutische Zubereitung gegen Hautstress und/oder Hautalterung.

WO 02/053773 A3

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 7 C12Q1/68 A61K31/7088 A61K38/00 A61K7/00 A61P17/00
G01N33/50

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 7 G01N C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

EPO-Internal, WPI Data, PAJ, BIOSIS, MEDLINE, EMBASE, EMBL, CHEM ABS Data

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>JANSEN B J H ET AL: "SERIAL ANALYSIS OF GENE EXPRESSION IN CULTURED HUMAN KERATINOCYTES"</p> <p>JOURNAL OF DERMATOLOGICAL SCIENCE, ELSEVIER SCIENCE PUBLISHERS, SHANNON, IR, vol. 16, no. SUPPL 1, 7 May 1998 (1998-05-07), page S138</p> <p>XP001122211</p> <p>ISSN: 0923-1811</p> <p>the whole document</p> <p style="text-align: center;">--- -/--</p>	1

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

30 April 2003

Date of mailing of the international search report

1 3. 05. 03

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Bayer, A

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/EP 01/15178

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	<p>WO 96 13610 A (GERON CORP) 9 May 1996 (1996-05-09) page 8, line 8 -page 11, line 4 page 12, line 13 -page 14, line 25 page 17, line 11 -page 18, line 3 page 19, line 12 - line 17 page 21, line 9 - line 20 page 29, line 50 -page 35, line 3 page 38, line 45 -page 39, line 15 page 52, line 10 -page 53, line 18 page 54, line 18 -page 55, line 6 page 59, line 29 - line 35 claims 1-26</p> <p>---</p>	1,9
Y	<p>WO 99 52929 A (BROWN JOSEPH P ;BURMER GLENN C (US); LIFESPAN BIOSCIENCES INC (US) 21 October 1999 (1999-10-21) cited in the application page 3, line 17 - line 30 page 4, line 29 -page 6, line 16 page 6, line 28 - line 31 page 7, line 12 - line 17 page 7, line 25 -page 8, line 25 page 9, line 9 - line 21 page 20, line 8 - line 14 page 33, line 29 -page 35, line 7 page 50, line 1 - line 26 page 58, line 15 - line 20 page 59, line 10 - line 15 claims 15-18,25,29,43,44,51-53,57,58,60,64,65,70</p> <p>---</p>	1,9
Y	<p>EP 0 761 822 A (UNIV JOHNS HOPKINS MED) 12 March 1997 (1997-03-12) cited in the application page 2, line 43 -page 3, line 9 page 6, line 57 -page 7, line 1 page 7, line 12 - line 22 page 8, line 14 - line 36 page 15, line 46 -page 16, line 12</p> <p>---</p>	1,9
A	<p>WO 00 10579 A (CALIFORNIA SKIN RESEARCH INST ;RHEINS LAWRENCE A (US); MORHENN VER) 2 March 2000 (2000-03-02) cited in the application page 4, line 3 - line 8 page 5, line 1 - line 9 page 5, line 6 -page 7, line 7 page 8, line 11 -page 17, line 7 claims 1-63</p> <p>---</p> <p style="text-align: center;">-/--</p>	1,9

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
P,X	JANSEN BASTIAAN J H ET AL: "Serial analysis of gene expression in differentiated cultures of human epidermal keratinocytes." JOURNAL OF INVESTIGATIVE DERMATOLOGY, vol. 116, no. 1, 15 January 2001 (2001-01-15), pages 12-22, XP002226878 ISSN: 0022-202X the whole document	1,9
E	DE 100 50 274 A (HENKEL KGAA) 18 April 2002 (2002-04-18) page 1, line 1 -page 5, line 49 claims 1-16	1,9
A	KANITAKIS J: "Immunohistochemistry of normal human skin." EUROPEAN JOURNAL OF DERMATOLOGY: EJD. FRANCE DEC 1998, vol. 8, no. 8, December 1998 (1998-12), pages 539-547, XP009009383 ISSN: 1167-1122 table 1 page 543, right-hand column, paragraph 4 page 545, left-hand column, paragraph 3	6,8-16, 18-25, 27-29, 31-36
A	GROTH L: "Cutaneous microdialysis. Methodology and validation." ACTA DERMATO-VENEREOLOGICA. SUPPLEMENTUM. NORWAY 1996, vol. 197, 1996, pages 1-61, XP001121766 ISSN: 0365-8341 page 10 page 22, right-hand column, paragraph 2 -page 23, left-hand column, paragraph 2	9,10
A	EP 0 965 647 A (MEMOREC MEDICAL MOLECULAR RESE) 22 December 1999 (1999-12-22) cited in the application the whole document	18-23
A	PANDEY AKHILESH ET AL: "Proteomics to study genes and genomes." NATURE (LONDON), vol. 405, no. 6788, 2000, pages 837-846, XP002172041 ISSN: 0028-0836 the whole document	11,12

	-/--	

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	LOCKHART DAVID J ET AL: "Genomics, gene expression and DNA arrays." NATURE (LONDON), vol. 405, no. 6788, 2000, pages 827-836, XP002955926 ISSN: 0028-0836 the whole document ---	13, 14
T	WO 02 053774 A (HENKEL KGAA ;HOFMANN KAY (DE); CONRADT MARCUS (DE); PETERSOHN DIRK) 11 July 2002 (2002-07-11) das ganze Dokument, insbesondere Tabelle 4 Nr. 17 ---	1, 6, 8-16, 18-25, 27-29, 31-36
A	SCHMIDT J B ET AL: "TREATMENT OF SKIN AGING WITH TOPICAL ESTROGENS" INTERNATIONAL JOURNAL OF DERMATOLOGY, INT. SOCIETY OF TROPICAL DERMATOLOGY INC.,, US, vol. 35, no. 9, 1996, pages 669-674, XP001119298 ISSN: 0011-9059 das ganze Dokument, insbesondere Seite 673, linke Spalte, Absatz 1 ---	1, 6, 8-16, 18-25, 27-29, 31-36
A	EPSTEIN E H JR: "ALPHA-1 III-3 HUMAN SKIN COLLAGEN RELEASE BY PEPSIN DIGESTION AND PREPONDERANCE IN FETAL LIFE" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, vol. 249, no. 10, 1974, pages 3225-3231, XP001147754 ISSN: 0021-9258 abstract page 3225, right-hand column, paragraph 2 page 3230, right-hand column, paragraph 5 -page 3231, left-hand column, paragraph 3 -----	1, 6, 8-16, 18-25, 27-29, 31-36

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☒ Claims Nos.: 17, 26, 30 (in full); 31-34, 36 (in part)
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

see supplemental sheet PCT/ISA/210
3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☒ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

Claims: 1 (in full); 6, 8-36 (all in part) corresponding to Inventions 1 and 6 (the latter in part)
4. ☐ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Remark on Protest

The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.



No protest accompanied the payment of additional search fees.

Continuation of Box I.2

Claims: 17, 26, 30 (in full); 31-34, 36 (in part)

The current Claims 17 and 26 relate to a test kit characterised in that it comprises "means for carrying out the method". The claims, however, do not contain any definition or characterisation of these means whatsoever, and therefore they relate to a disproportionately large number of possible substances. In fact, they comprise so many alternatives as to appear unclear (and/or too broadly worded) (PCT Article 6) to such an extent that it appears impossible to carry out a meaningful search. Since the description of the present application does not define or characterise these means either, it was not possible to carry out a search for Claims 17 and 26.

Claim 30 relates to an agent in a cosmetic or pharmaceutical preparation which is characterised solely by its being determined by a method, without any structural or other essential characteristics of said agent being indicated. The claim therefore encompasses all substances that are determined by this method, but the application does not provide support by the description (PCT Article 5) for any such substances. In the present case, the claim lacks the proper support and the application lacks the requisite disclosure to such an extent that it appears impossible to carry out a meaningful search covering the entire range of protection sought. Moreover, the claim also lacks the requisite clarity (PCT Article 6) since it attempts to define the compounds by the desired result. This lack of clarity too is such that it is impossible to carry out a meaningful search. Therefore, a search was not carried out for Claim 30.

In the light of the objection with respect to the lack of unity of invention of Invention 6 (see Form B) and the resulting restriction of the search to "desmin", the current Claims 31-34 and 36 relate to a nucleic acid construct characterised by its ability to induce or increase the activity of desmin. The claims, however, contain no definitions or characteristics (Claims 31, 32) or only very general definitions or characteristics (Claim 33) of these constructs. The claims therefore encompass all nucleic acid constructs that have this ability, but the application provides support by the description (PCT Article 5) for only a limited number of such constructs. In the present case, the claims lack the proper support and the application lacks the

requisite disclosure to such an extent that it appears impossible to carry out a meaningful search covering the entire range of protection sought.

Moreover, the claims also lack the requisite clarity (PCT Article 6) since they attempt to define the compounds by the desired result. This lack of clarity too is such that it is impossible to carry out a meaningful search covering the entire range of protection sought. Therefore the search was directed to the parts of the claims that appear to be clear, supported or disclosed in the above sense, that is the parts relating to the general concepts desmin antisense, desmin coding sequence, ribozyme and rRNA (see Claim 35, description, page 25, lines 16, 17, page 26, line 1 ff.).

The applicant is advised that claims or parts of claims relating to inventions in respect of which no international search report has been established normally cannot be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). In its capacity as International Preliminary Examining Authority the EPO generally will not carry out a preliminary examination for subjects that have not been searched. This also applies to cases where the claims were amended after receipt of the international search report (PCT Article 19) or where the applicant submits new claims in the course of the procedure under PCT Chapter II.

The International Searching Authority has determined that this international application contains multiple (groups of) inventions, namely:

1. Claims: 1 (in full), 9 (in part)

Method for identifying genes important for skin ageing and/or skin stress.

2. Claims: 2 (in full), 9-14, 17, 25, 26, 28, 30 (all in part)

Method for determining skin stress/skin ageing.

3. Claims: 3, 8-36 (all in part)

Method for determining skin stress/skin ageing, biochips, cosmetic/pharmaceutical preparations, identification of agents and detection of the effectiveness thereof against skin stress/skin ageing using the proteins/mRNAs of Tables 1-4 with a comparison of old and young or young and old skin having at least double the strength of expression.

4. Claims: 4, 8-36 (all in part)

Method for determining skin stress/skin ageing, biochips, cosmetic/pharmaceutical preparations, identification of agents and detection of the effectiveness thereof against skin stress/skin ageing using the proteins/mRNAs of Tables 2-4 with a comparison of old and young or young and old skin having at least five-times the strength of expression.

5. Claims: 5, 8-36 (all in part)

Method for determining skin stress/skin ageing, biochips, cosmetic/pharmaceutical preparations, identification of agents and detection of the effectiveness thereof against skin stress/skin ageing using the proteins/mRNAs of Tables 3 and 4 with a comparison of old

and young or young and old skin having at least seven-times the strength of expression.

6. Claims: 6, 8-36 (all in part)

Method for determining skin stress/skin ageing, biochips, cosmetic/pharmaceutical preparations, identification of agents and detection of the effectiveness thereof against skin stress/skin ageing using the proteins/mRNAs of Table 4 with a comparison of old and young or young and old skin having at least 10-times the strength of expression.

7. Claims: 7-36 (all in part)

Method for determining skin stress/skin ageing, biochips, cosmetic/pharmaceutical preparations, identification of agents and detection of the effectiveness thereof against skin stress/skin ageing using the proteins/mRNAs of Tables 5 and 7 with a comparison of old and young or young and old skin having at least double, 5-times, 7-times or 10-times the strength of expression.

8. Claims: 15-17, 23-36 (all in part)

Method for determining skin stress/skin ageing, biochips, cosmetic/pharmaceutical preparations, identification of agents and detection of the effectiveness thereof against skin stress/skin ageing using the proteins/mRNAs of Tables 6, 8 and 9.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/EP 01/15178

Patent document cited in search report		Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9613610	A	09-05-1996	US 5744300 A AU 698841 B2 AU 3692495 A EP 0789780 A1 JP 10508200 T WO 9613610 A2	28-04-1998 12-11-1998 23-05-1996 20-08-1997 18-08-1998 09-05-1996
WO 9952929	A	21-10-1999	US 2002197602 A1 AU 3563999 A CA 2323934 A1 EP 1071698 A1 JP 2002511240 T WO 9952929 A1	26-12-2002 01-11-1999 21-10-1999 31-01-2001 16-04-2002 21-10-1999
EP 0761822	A	12-03-1997	US 5695937 A US 5866330 A AU 707846 B2 AU 6561496 A AU 7018896 A CA 2185379 A1 DE 761822 T1 EP 1231284 A2 EP 0761822 A2 GB 2305241 A ,B IE 80465 B1 JP 10511002 T JP 3334806 B2 JP 2001155035 A JP 2001145495 A WO 9710363 A1 US 6383743 B1	09-12-1997 02-02-1999 22-07-1999 20-03-1997 01-04-1997 13-03-1997 11-01-2001 14-08-2002 12-03-1997 02-04-1997 12-08-1998 27-10-1998 15-10-2002 08-06-2001 29-05-2001 20-03-1997 07-05-2002
WO 0010579	A	02-03-2000	AU 754471 B2 AU 5575499 A CA 2340673 A1 EP 1112077 A1 JP 2002523145 T WO 0010579 A1 US 2002197604 A1 US 2002110822 A1 US 2002127573 A1 US 2002115086 A1 US 2002150918 A1 US 2002119471 A1 US 2002110824 A1	14-11-2002 14-03-2000 02-03-2000 04-07-2001 30-07-2002 02-03-2000 26-12-2002 15-08-2002 12-09-2002 22-08-2002 17-10-2002 29-08-2002 15-08-2002
DE 10050274	A	18-04-2002	DE 10050274 A1 AU 1398202 A WO 0231496 A2	18-04-2002 22-04-2002 18-04-2002
EP 0965647	A	22-12-1999	EP 0965647 A1 AU 4771199 A CA 2330478 A1 WO 9964623 A1 EP 1084276 A1 JP 2002517257 T	22-12-1999 30-12-1999 16-12-1999 16-12-1999 21-03-2001 18-06-2002
WO 02053774	A	11-07-2002	DE 10100127 A1	02-10-2002

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/EP 01/15178

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 02053774	A	WO 02053774 A2	11-07-2002

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 7 C12Q1/68 A61K31/7088 A61K38/00 A61K7/00 A61P17/00
G01N33/50

Nach der internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 7 G01N C12Q

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

EPO-Internal, WPI Data, PAJ, BIOSIS, MEDLINE, EMBASE, EMBL, CHEM ABS Data

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	JANSEN B J H ET AL: "SERIAL ANALYSIS OF GENE EXPRESSION IN CULTURED HUMAN KERATINOCYTES" JOURNAL OF DERMATOLOGICAL SCIENCE, ELSEVIER SCIENCE PUBLISHERS, SHANNON, IR, Bd. 16, Nr. SUPPL 1, 7. Mai 1998 (1998-05-07), Seite S138 XP001122211 ISSN: 0923-1811 das ganze Dokument --- -/--	1

☒ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

☒ Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

"&" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

30. April 2003

Absenddatum des internationalen Recherchenberichts

13.05.03

Name und Postanschrift der internationalen Recherchenbehörde
Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Bayer, A

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
Y	<p>WO 96 13610 A (GERON CORP) 9. Mai 1996 (1996-05-09) Seite 8, Zeile 8 -Seite 11, Zeile 4 Seite 12, Zeile 13 -Seite 14, Zeile 25 Seite 17, Zeile 11 -Seite 18, Zeile 3 Seite 19, Zeile 12 - Zeile 17 Seite 21, Zeile 9 - Zeile 20 Seite 29, Zeile 50 -Seite 35, Zeile 3 Seite 38, Zeile 45 -Seite 39, Zeile 15 Seite 52, Zeile 10 -Seite 53, Zeile 18 Seite 54, Zeile 18 -Seite 55, Zeile 6 Seite 59, Zeile 29 - Zeile 35 Ansprüche 1-26</p> <p>---</p>	1,9
Y	<p>WO 99 52929 A (BROWN JOSEPH P ;BURMER GLENN C (US); LIFESPAN BIOSCIENCES INC (US) 21. Oktober 1999 (1999-10-21) in der Anmeldung erwähnt Seite 3, Zeile 17 - Zeile 30 Seite 4, Zeile 29 -Seite 6, Zeile 16 Seite 6, Zeile 28 - Zeile 31 Seite 7, Zeile 12 - Zeile 17 Seite 7, Zeile 25 -Seite 8, Zeile 25 Seite 9, Zeile 9 - Zeile 21 Seite 20, Zeile 8 - Zeile 14 Seite 33, Zeile 29 -Seite 35, Zeile 7 Seite 50, Zeile 1 - Zeile 26 Seite 58, Zeile 15 - Zeile 20 Seite 59, Zeile 10 - Zeile 15 Ansprüche 15-18,25,29,43,44,51-53,57,58,60,64,65,70</p> <p>---</p>	1,9
Y	<p>EP 0 761 822 A (UNIV JOHNS HOPKINS MED) 12. März 1997 (1997-03-12) in der Anmeldung erwähnt Seite 2, Zeile 43 -Seite 3, Zeile 9 Seite 6, Zeile 57 -Seite 7, Zeile 1 Seite 7, Zeile 12 - Zeile 22 Seite 8, Zeile 14 - Zeile 36 Seite 15, Zeile 46 -Seite 16, Zeile 12</p> <p>---</p>	1,9
A	<p>WO 00 10579 A (CALIFORNIA SKIN RESEARCH INST ;RHEINS LAWRENCE A (US); MORHENN VER) 2. März 2000 (2000-03-02) in der Anmeldung erwähnt Seite 4, Zeile 3 - Zeile 8 Seite 5, Zeile 1 - Zeile 9 Seite 5, Zeile 6 -Seite 7, Zeile 7 Seite 8, Zeile 11 -Seite 17, Zeile 7 Ansprüche 1-63</p> <p>---</p> <p>-/-</p>	1,9

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
P,X	JANSEN BASTIAAN J H ET AL: "Serial analysis of gene expression in differentiated cultures of human epidermal keratinocytes." JOURNAL OF INVESTIGATIVE DERMATOLOGY, Bd. 116, Nr. 1, 15. Januar 2001 (2001-01-15), Seiten 12-22, XP002226878 ISSN: 0022-202X das ganze Dokument ---	1,9
E	DE 100 50 274 A (HENKEL KGAA) 18. April 2002 (2002-04-18) Seite 1, Zeile 1 -Seite 5, Zeile 49 Ansprüche 1-16 ---	1,9
A	KANITAKIS J: "Immunohistochemistry of normal human skin." EUROPEAN JOURNAL OF DERMATOLOGY: EJD. FRANCE DEC 1998, Bd. 8, Nr. 8, Dezember 1998 (1998-12), Seiten 539-547, XP009009383 ISSN: 1167-1122 Tabelle 1 Seite 543, rechte Spalte, Absatz 4 Seite 545, linke Spalte, Absatz 3 ---	6,8-16, 18-25, 27-29, 31-36
A	GROTH L: "Cutaneous microdialysis. Methodology and validation." ACTA DERMATO-VENEREOLOGICA. SUPPLEMENTUM. NORWAY 1996, Bd. 197, 1996, Seiten 1-61, XP001121766 ISSN: 0365-8341 Seite 10 Seite 22, rechte Spalte, Absatz 2 -Seite 23, linke Spalte, Absatz 2 ---	9,10
A	EP 0 965 647 A (MEMOREC MEDICAL MOLECULAR RESE) 22. Dezember 1999 (1999-12-22) in der Anmeldung erwähnt das ganze Dokument ---	18-23
A	PANDEY AKHILESH ET AL: "Proteomics to study genes and genomes." NATURE (LONDON), Bd. 405, Nr. 6788, 2000, Seiten 837-846, XP002172041 ISSN: 0028-0836 das ganze Dokument --- -/--	11,12

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie°	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	LOCKHART DAVID J ET AL: "Genomics, gene expression and DNA arrays." NATURE (LONDON), Bd. 405, Nr. 6788, 2000, Seiten 827-836, XP002955926 ISSN: 0028-0836 das ganze Dokument ---	13,14
T	WO 02 053774 A (HENKEL KGAA ;HOFMANN KAY (DE); CONRADT MARCUS (DE); PETERSOHN DIRK) 11. Juli 2002 (2002-07-11) das ganze Dokument, insbesondere Tabelle 4 Nr. 17 ---	1,6, 8-16, 18-25, 27-29, 31-36
A	SCHMIDT J B ET AL: "TREATMENT OF SKIN AGING WITH TOPICAL ESTROGENS" INTERNATIONAL JOURNAL OF DERMATOLOGY, INT. SOCIETY OF TROPICAL DERMATOLOGY INC.,, US, Bd. 35, Nr. 9, 1996, Seiten 669-674, XP001119298 ISSN: 0011-9059 das ganze Dokument, insbesondere Seite 673, linke Spalte, Absatz 1 ---	1,6, 8-16, 18-25, 27-29, 31-36
A	EPSTEIN E H JR: "ALPHA-1 III-3 HUMAN SKIN COLLAGEN RELEASE BY PEPSIN DIGESTION AND PREPONDERANCE IN FETAL LIFE" JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY, Bd. 249, Nr. 10, 1974, Seiten 3225-3231, XP001147754 ISSN: 0021-9258 Zusammenfassung Seite 3225, rechte Spalte, Absatz 2 Seite 3230, rechte Spalte, Absatz 5 -Seite 3231, linke Spalte, Absatz 3 -----	1,6, 8-16, 18-25, 27-29, 31-36

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2. ☒ Ansprüche Nr. 17,26,30 (komplett); 31-34, 36 (teilweise)
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210
3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

siehe Zusatzblatt

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☒ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
1 (komplett); 6,8-36 (alle teilweise) entsprechend Erfindung 1 und 6
(letzere teilweise)
4. ☐ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☒ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

Fortsetzung von Feld I.2

Ansprüche Nr.: 17,26,30 (komplett); 31-34, 36 (teilweise)

Die geltenden Patentansprüche 17 und 26 beziehen sich auf einen Test-Kit charakterisiert dadurch dass er "Mittel zur Durchführung des Verfahrens" umfasst. Die Patentansprüche enthalten jedoch keinerlei Definition bzw. Charakterisierung dieser Mittel, so dass sie sich auf eine unverhältnismässig grosse Zahl möglicher Substanzen beziehen. In der Tat umfassen sie so viele Wahlmöglichkeiten, dass sie im Sinne des Artikels 6 PCT in einem solchen Masse unklar (und/oder zu weitläufig gefasst) erscheinen, als dass sie eine sinnvolle Recherche ermöglichen. Dadurch dass auch in der Beschreibung der vorliegenden Patentanmeldung diese Mittel nicht definiert bzw. charakterisiert werden, konnte dementsprechend für die Patentansprüche 17 und 26 keine Recherche durchgeführt werden.

Der Patentanspruch 30 bezieht sich auf einen Wirkstoff in einer kosmetischen oder pharmazeutischen Zubereitung der alleine durch seine Bestimmung mittels eines Verfahrens charakterisiert wird, ohne jedoch strukturelle oder andere essentielle Charakteristika dieses Wirkstoffs anzugeben.

Der Patentanspruch umfasst daher alle Substanzen die mit diesem Verfahren bestimmt werden, wohingegen die Patentanmeldung Stütze durch die Beschreibung im Sinne von Art. 5 PCT für keine solcher Substanzen liefert. Im vorliegenden Fall fehlen dem Patentanspruch die entsprechende Stütze bzw. der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche unmöglich erscheint. Desungeachtet fehlt dem Patentanspruch auch die in Art. 6 PCT geforderte Klarheit, nachdem in ihnen versucht wird, die Substanz über das jeweils erstrebte Ergebnis zu definieren. Auch dieser Mangel an Klarheit ist dergestalt, daß er eine sinnvolle Recherche unmöglich macht. Daher wurde auch für den Patentanspruch 30 keine Recherche durchgeführt.

Unter Berücksichtigung des Nichteinheitlichkeits-Einwands hinsichtlich der Erfindung 6 (siehe Formblatt B) und der daraus resultierenden Einschränkung der Recherche auf "Desmin" beziehen sich die geltenden Patentansprüche 31-34 und 36 auf ein Nukleinsäurekonstrukt charakterisiert durch seine Fähigkeit die Aktivität von Desmin zu induzieren oder zu verstärken. Die Patentansprüche enthalten jedoch keine (Ansprüche 31,32) bzw. nur sehr allgemeine Definitionen/Charakteristika (Anspruch 33) dieser Konstrukte. Die Patentansprüche umfassen daher alle Nukleinsäurekonstrukte die diese Fähigkeit besitzen, wohingegen die Patentanmeldung Stütze durch die Beschreibung im Sinne von Art. 5 PCT nur für eine begrenzte Zahl solcher Konstrukte liefert. Im vorliegenden Fall fehlen den Patentansprüchen die entsprechende Stütze bzw. der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den gesamten erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Desungeachtet fehlt den Patentansprüchen auch die in Art. 6 PCT geforderte Klarheit, nachdem in ihnen versucht wird, das Konstrukt über das jeweils erstrebte Ergebnis zu definieren. Auch dieser Mangel an Klarheit ist dergestalt, daß er eine sinnvolle Recherche über den gesamten erstrebten Schutzbereich unmöglich macht. Daher wurde die

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Recherche auf die Teile der Patentansprüche gerichtet, welche im o.a. Sinne als klar, gestützt oder offenbart erscheinen, nämlich die Teile betreffend die allgemeinen Begriffe Desmin Antisense, Desmin kodierende Sequenz, Ribozym und rRNA (siehe Anspruch 35, Beschreibung Seite 25 Zeilen 16,17, Seite 26 Zeile 1 ff.).

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentansprüche vorlegt.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere (Gruppen von) Erfindungen enthält, nämlich:

1. Ansprüche: 1 komplett, 9 teilweise

Verfahren zur Identifizierung von Genen die für die Hautalterung und/oder den Hautstress bedeutsam sind

2. Ansprüche: 2 (komplett), 9-14,17,25,26,28,30 (alle teilweise)

Verfahren zur Bestimmung des Hautstress/der Hautalterung

3. Ansprüche: 3,8-36 (alle teilweise)

Verfahren zur Bestimmung des Hautstress/der Hautalterung, Biochips, kosmetische/pharmazeutische Zubereitungen, Identifikation von Wirkstoffen bzw. Nachweis ihrer Wirksamkeit gegen Hautstress/Hautalterung unter Verwendung der Proteine/mRNAs der Tabellen 1-4 mit im Vergleich alter zu junger bzw. junger zu alter Haut mindestens doppelt so starker Expression

4. Ansprüche: 4,8-36 (alle teilweise)

Verfahren zur Bestimmung des Hautstress/der Hautalterung, Biochips, kosmetische/pharmazeutische Zubereitungen, Identifikation von Wirkstoffen bzw. Nachweis ihrer Wirksamkeit gegen Hautstress/Hautalterung unter Verwendung der Proteine/mRNAs der Tabellen 2-4 mit im Vergleich alter zu junger bzw. junger zu alter Haut mindestens 5-fach so starker Expression

5. Ansprüche: 5,8-36 (alle teilweise)

Verfahren zur Bestimmung des Hautstress/der Hautalterung, Biochips, kosmetische/pharmazeutische Zubereitungen, Identifikation von Wirkstoffen bzw. Nachweis ihrer Wirksamkeit gegen Hautstress/Hautalterung unter Verwendung der Proteine/mRNAs der Tabellen 3 und 4 mit im Vergleich alter zu junger bzw. junger zu alter Haut mindestens 7-fach so starker Expression

6. Ansprüche: 6,8-36 (alle teilweise)

Verfahren zur Bestimmung des Hautstress/der Hautalterung, Biochips, kosmetische/pharmazeutische Zubereitungen, Identifikation von Wirkstoffen bzw. Nachweis ihrer Wirksamkeit gegen Hautstress/Hautalterung unter Verwendung der Proteine/mRNAs der Tabelle 4 mit im Vergleich alter zu

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

junger bzw. junger zu alter Haut mindestens 10-fach so
starker Expression

7. Ansprüche: 7-36 (alle teilweise)

Verfahren zur Bestimmung des Hautstress/der Hautalterung,
Biochips, kosmetische/pharmazeutische Zubereitungen,
Identifikation von Wirkstoffen bzw. Nachweis ihrer
Wirksamkeit gegen Hautstress/Hautalterung unter Verwendung
der Proteine/mRNAs der Tabellen 5 und 7 mit im Vergleich
alter zu junger bzw. junger zu alter Haut mindestens
doppelt, 5-fach, 7-fach, 10-fach so starker Expression

8. Ansprüche: 15-17,23-36 (alle teilweise)

Verfahren zur Bestimmung des Hautstress/der Hautalterung,
Biochips, kosmetische/pharmazeutische Zubereitungen,
Identifikation von Wirkstoffen bzw. Nachweis ihrer
Wirksamkeit gegen Hautstress/Hautalterung unter Verwendung
der Proteine/mRNAs der Tabellen 6,8 und 9

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 9613610 A	09-05-1996	US 5744300 A	28-04-1998
		AU 698841 B2	12-11-1998
		AU 3692495 A	23-05-1996
		EP 0789780 A1	20-08-1997
		JP 10508200 T	18-08-1998
		WO 9613610 A2	09-05-1996
WO 9952929 A	21-10-1999	US 2002197602 A1	26-12-2002
		AU 3563999 A	01-11-1999
		CA 2323934 A1	21-10-1999
		EP 1071698 A1	31-01-2001
		JP 2002511240 T	16-04-2002
		WO 9952929 A1	21-10-1999
EP 0761822 A	12-03-1997	US 5695937 A	09-12-1997
		US 5866330 A	02-02-1999
		AU 707846 B2	22-07-1999
		AU 6561496 A	20-03-1997
		AU 7018896 A	01-04-1997
		CA 2185379 A1	13-03-1997
		DE 761822 T1	11-01-2001
		EP 1231284 A2	14-08-2002
		EP 0761822 A2	12-03-1997
		GB 2305241 A ,B	02-04-1997
		IE 80465 B1	12-08-1998
		JP 10511002 T	27-10-1998
		JP 3334806 B2	15-10-2002
		JP 2001155035 A	08-06-2001
		JP 2001145495 A	29-05-2001
		WO 9710363 A1	20-03-1997
		US 6383743 B1	07-05-2002
WO 0010579 A	02-03-2000	AU 754471 B2	14-11-2002
		AU 5575499 A	14-03-2000
		CA 2340673 A1	02-03-2000
		EP 1112077 A1	04-07-2001
		JP 2002523145 T	30-07-2002
		WO 0010579 A1	02-03-2000
		US 2002197604 A1	26-12-2002
		US 2002110822 A1	15-08-2002
		US 2002127573 A1	12-09-2002
		US 2002115086 A1	22-08-2002
		US 2002150918 A1	17-10-2002
		US 2002119471 A1	29-08-2002
		US 2002110824 A1	15-08-2002
DE 10050274 A	18-04-2002	DE 10050274 A1	18-04-2002
		AU 1398202 A	22-04-2002
		WO 0231496 A2	18-04-2002
EP 0965647 A	22-12-1999	EP 0965647 A1	22-12-1999
		AU 4771199 A	30-12-1999
		CA 2330478 A1	16-12-1999
		WO 9964623 A1	16-12-1999
		EP 1084276 A1	21-03-2001
		JP 2002517257 T	18-06-2002
WO 02053774 A	11-07-2002	DE 10100127 A1	02-10-2002

Formblatt PCT/ISA/210 (Anhang Patentfamilie)(Juli 1992)